

# **PENERAPAN ALGORITME GENETIKA PADA OPTIMASI FUNGSI KEANGGOTAAN SISTEM INFERENSI *FUZZY* TSUKAMOTO UNTUK DIAGNOSIS PENYAKIT *HIV***

## **SKRIPSI**

Untuk memenuhi sebagian persyaratan  
memperoleh gelar Sarjana Komputer

Disusun oleh:

Yobel Leonardo Tampubolon

NIM: 135150207111040



PROGRAM STUDI TEKNIK INFORMATIKA  
JURUSAN TEKNIK INFORMATIKA  
FAKULTAS ILMU KOMPUTER  
UNIVERSITAS BRAWIJAYA  
MALANG  
2018

## PENGESAHAN

### PENGESAHAN

PENERAPAN ALGORITME GENETIKA PADA OPTIMASI FUNGSI KEANGGOTAAN  
SISTEM INFERENSI *FUZZY* TSUKAMOTO UNTUK DIAGNOSIS PENYAKIT HIV

SKRIPSI

Diajukan untuk memenuhi sebagian persyaratan  
memperoleh gelar Sarjana Komputer

Disusun Oleh :

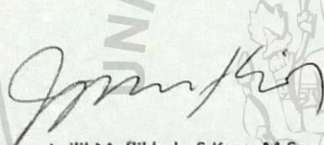
Yobel Leonardo Tampubolon  
NIM : 135150207111040

Skripsi ini telah diuji dan dinyatakan lulus pada  
15 Januari 2018

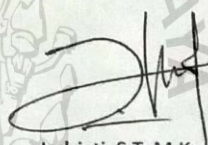
Telah diperiksa dan disetujui oleh:

Dosen Pembimbing I

Dosen Pembimbing II



Laili Muflikhah, S.Kom, M.Sc  
NIP: 19741113 200501 2 001



Indriati, S.T, M.Kom  
NIP: 19831013 201504 2 002

Mengetahui  
Ketua Jurusan Teknik Informatika



Tri Astoto Kurniawan, S.T, M.T, Ph.D  
NIP: 19710518 200312 1 001



## PERNYATAAN ORISINALITAS

### PERNYATAAN ORISINALITAS

Saya menyatakan dengan sebenar-benarnya bahwa sepanjang pengetahuan saya, di dalam naskah skripsi ini tidak terdapat karya ilmiah yang pernah diajukan oleh orang lain untuk memperoleh gelar akademik di suatu perguruan tinggi, dan tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan oleh orang lain, kecuali yang secara tertulis disitasi dalam naskah ini dan disebutkan dalam daftar pustaka.

Apabila ternyata didalam naskah skripsi ini dapat dibuktikan terdapat unsur-unsur plagiasi, saya bersedia skripsi ini digugurkan dan gelar akademik yang telah saya peroleh (sarjana) dibatalkan, serta diproses sesuai dengan peraturan perundang-undangan yang berlaku (UU No. 20 Tahun 2003, Pasal 25 ayat 2 dan Pasal 70).

Malang, 15 Januari 2018



Yobel Leonardo Tampubolon

NIM: 135150207111040

## KATA PENGANTAR

Puji syukur kepada Tuhan Yang Maha Esa, atas berkat, rahmat, cinta kasih dan penyertaan-Nya penulis dapat menyelesaikan penelitian dan penyusunan naskah skripsi yang berjudul “Penerapan Algoritme Genetika Pada Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi Fuzzy Tsukamoto Untuk Diagnosis Penyakit HIV”. Skripsi ini disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar Sarjana Komputer di Program Studi Informatika/Illmu Komputer Fakultas Ilmu Komputer Universitas Brawijaya Malang. Penulis menyadari bahwa dalam pembuatan skripsi ini tidak terlepas dari bantuan dan dukungan berbagai pihak. Oleh karena itu, pada kesempatan ini penulis menggunakan untuk mengucapkan terimakasih kepada:

1. Wayan Firdaus Mahmudy, S.Si, M.T., Ph.D, selaku Dekan Fakultas Ilmu Komputer/Universitas Brawijaya.
2. Tri Astoto Kurniawan, S.T, M.T, selaku Ketua Jurusan Teknik Informatika/Universitas Brawijaya.
3. Agus Wahyu Widodo, S.T, M.Cs, selaku Ketua Program Studi Teknik Informatika/Universitas Brawijaya.
4. Ibu Lailil Muflikhah, S.Kom, M.Sc, selaku Dosen Pembimbing I yang telah membimbing dan mendampingi dengan sangat baik selama pembuatan skripsi.
5. Ibu Indrianti, S.T, M.Kom, selaku Dosen Pembimbing II yang telah membimbing dan mendampingi dengan sangat baik selama pembuatan skripsi.
6. Seluruh Dosen FILKOM UB yang telah membagikan ilmunya kepada penulis selama masa perkuliahan.
7. Seluruh Civitas Akademika FILKOM UB yang telah memberikan dukungan dan bantuan selama menempuh studi di Teknik Informatika/Illmu Komputer Universitas Brawijaya dan selama penyelesaian skripsi ini.
8. Kedua Orang Tua, Bapak Rabel dan Ibu Heriati serta keluarga besar atas segala doa, nasihat, dukungan baik moril maupun materiil yang begitu besar terhadap kelancaran dalam menyelesaikan skripsi ini.
9. Fransisca Puspa Jelita Simanjuntak yang telah memberi dukungan, semangat, kasih dan doa serta bantuan sehingga skripsi ini selesai.
10. Teman-teman tinggal bersama selama di Malang, Fandi, Gita dan Yogi yang telah mendukung penulis menyelesaikan skripsi.
11. Teman-teman seperjuangan, Jumerlyanti dan Rheza yang telah menjadi kelompok belajar dan kelompok PKL, terimakasih atas dukungan dan semangatnya.
12. Seluruh kerabat yang tidak dapat disebutkan secara satu persatu, penulis mengucapkan terimakasih atas semangat yang telah diberikan.

Malang, 15 Januari 2018

Penulis  
yobeleonardo@gmail.com

## ABSTRAK

**Yobel Leonardo Tampubolon. 2018. Penerapan Algoritme Genetika Pada Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi Fuzzy Tsukamoto Untuk Diagnosis Penyakit HIV. Fakultas Ilmu Komputer, Universitas Brawijaya, Malang. Dosen Pembimbing: Laili Muflikhah, S.Kom, M.Sc dan Indriati, S.T, M.Kom.**

*HIV* adalah singkatan dari *Human Immunodeficiency Virus*. Virus ini menyerang sistem kekebalan tubuh dan melemahkan kemampuan tubuh untuk melawan infeksi dan penyakit. *HIV* bekerja dengan cara mencari sel T dari darah putih manusia lalu masuk dan memaksa sel T untuk mencetak virus *HIV* yang baru. Menurut data yang dikeluarkan oleh Ditjen PP & PL Kemenentrian Kesehatan RI, dari awal ditemukan sampai pada desember tahun 2016 secara kumulatif terdapat sekitar 232 ribu orang telah mengidap *HIV*. Pada sebelumnya untuk mendiagnosis *HIV* diperlukan seorang pakar yaitu dokter dan dibutuhkan beberapa rangkaian uji tes dimana proses tersebut membutuhkan waktu yang relatif lama. Oleh karena itu diperlukan metode lain yang mampu melakukan diagnosis tersebut. Salah satu penggunaan dari sistem inferensi fuzzy adalah untuk melakukan diagnosis penyakit *HIV*. Pada sistem inferensi fuzzy terdapat fungsi keanggotaan yang berperan penting dalam menyelesaikan masalah sehingga fungsi tersebut harus ditentukan secara benar dan tepat. Berdasarkan aturan-aturan dan batasan gejala yang diperoleh dari pakar digunakan untuk membentuk aturan yang dibutuhkan dalam logika fuzzy untuk mendapatkan diagnosis penyakit *HIV* yang akurat. Untuk memperoleh fungsi keanggotaan yang tepat dapat dilakukan perbaikan batasan menggunakan Algoritme Genetika yang mampu memberikan hasil akurasi lebih baik dibandingkan dengan batasan sebelumnya. Algoritme Genetika yang digunakan mampu memberikan nilai akurasi sebesar 45% terhadap 24 data yang diujikan. Pengujian dilakukan menggunakan beberapa nilai parameter terbaik diantaranya nilai populasi adalah 60, generasi senilai 40, *crossover rate* sebesar 0.70 dan *mutation rate* sebesar 0.40.

Kata kunci: *logika fuzzy, algoritme genetika, diagnosis HIV*



## ABSTRACT

**Yobel Leonardo Tampubolon. 2018. *Application of Genetic Algorithm On Optimization of Membership Function of Fuzzy Tsukamoto Inference System for Diagnosis of HIV Disease*. Faculty of Computer Science, Brawijaya University, Malang. Lecture: Lailil Muflikhah, S.Kom, M.Sc and Indriati, S.T, M.Kom.**

*HIV stands for Human Immunodeficiency Virus. This virus attacks the immune system and weakens the body's ability to fight infections and diseases. HIV works by searching for T cells from human white blood and then entering and forcing T cells to print a new HIV virus. According to data released by the Directorate General of PP & PL Kementrian Kesehatan RI, from the beginning found until December 2016 cumulatively there are about 232 thousand people have HIV. Prior to diagnosing HIV, a physician and a few test sequences were required where the process took a relatively long time. Therefore required another method that is able to make the diagnosis. One utilization of the fuzzy inference system is to diagnose HIV disease. In fuzzy inference system there is a membership function that plays an important role in solving the problem so that the function must be determined correctly and appropriately. Based on the rules and limitations of symptoms obtained from the expert used to establish the rules required in fuzzy logic to obtain accurate diagnosis of HIV disease. To obtain the right membership function can be done restrictions using Genetic Algorithm that can provide better accuracy results than the previous membership function. Genetic algorithm used can give accuracy about 45% to 24 data tested. Tests conducted using some of the best parameter values there are, population value is 60, the generation is 40, crossover rate is 0.70 and mutation rate is 0.40.*

**Keywords:** *fuzzy logic, genetic algorithm, diagnose HIV*

## DAFTAR ISI

PENGESAHAN .....	ii
PERNYATAAN ORISINALITAS .....	iii
KATA PENGANTAR.....	iv
ABSTRAK.....	v
ABSTRACT .....	vi
DAFTAR ISI .....	vii
DAFTAR TABEL.....	x
DAFTAR GAMBAR.....	xi
DAFTAR KODE PROGRAM .....	xiii
BAB 1 PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang .....	1
1.2 Rumusan Masalah .....	2
1.3 Tujuan .....	2
1.4 Manfaat .....	3
1.5 Batasan Masalah.....	3
1.6 Sistematika Pembahasan.....	3
BAB 2 LANDASAN KEPUSTAKAAN .....	5
2.1 Kajian Pustaka.....	5
2.2 Penyakit <i>HIV</i> .....	6
2.3 <i>Fuzzy Inference System</i> Tsukamoto .....	12
2.3.1 Fungsi Keanggotaan Himpunan <i>Fuzzy</i> .....	13
2.4 Algoritme Genetika.....	15
2.4.1 Inisialisasi Kromosom .....	15
2.4.2 Reproduksi .....	16
2.4.3 Evaluasi.....	17
2.4.4 Seleksi.....	17
BAB 3 METODOLOGI .....	18
3.1 Studi Literatur .....	18
3.2 Pengumpulan Data .....	19
3.3 Analisa Kebutuhan.....	19
3.4 Perancangan Sistem .....	19
3.5 Implementasi Sistem .....	20

3.6 Pengujian Sistem .....	19
3.7 Kesimpulan .....	20
BAB 4 PERANCANGAN.....	21
4.1 Formulasi Permasalahan .....	21
4.2 Siklus <i>Fuzzy Tsukamoto</i> .....	24
4.2.1 Pembentukan Himpunan <i>Fuzzy</i> .....	24
4.2.2 Pembentukan Basis Aturan <i>Fuzzy</i> .....	36
4.2.3 Langkah <i>Fuzzifikasi</i> .....	39
4.2.4 Mesin Inferensi.....	41
4.2.5 Langkah <i>Defuzzifikasi</i> .....	43
4.3 Siklus Algoritme Genetika.....	46
4.3.1 Representasi Kromosom .....	47
4.3.2 Inisialisasi Populasi Awal.....	50
4.3.3 Reproduksi .....	51
4.3.4 Nilai <i>Fitness</i> .....	56
4.3.5 Seleksi.....	57
4.4 Perancangan Tampilan Sistem .....	59
4.4.1 Tampilan Halaman Utama .....	59
4.4.2 Tampilan Halaman Data Uji .....	60
4.4.3 Tampilan Halaman Aturan Pakar .....	61
4.4.4 Tampilan Halaman Hasil Diagnosis .....	61
4.5 Perancangan Pengujian .....	62
4.5.1 Pengujian Jumlah Populasi.....	62
4.5.2 Pengujian Jumlah Generasi .....	63
4.5.3 Pengujian Nilai <i>Crossover Rate</i> dan <i>Mutation Rate</i> .....	63
4.5.4 Pengujian Menggunakan Parameter Terbaik .....	64
BAB 5 IMPLEMENTASI .....	65
5.1 Struktur Kelas .....	65
5.2 Implementasi Program .....	65
5.2.1 Implementasi Populasi Awal .....	65
5.2.2 Implementasi Proses <i>Crossover</i> .....	68
5.2.3 Implementasi Proses <i>Mutation</i> .....	69
5.2.4 Implementasi Nilai <i>Fitness</i> .....	70
5.2.5 Implementasi Proses Seleksi .....	71



5.3 Implementasi Tampilan Sistem .....	72
5.3.1 Tampilan Halaman Utama .....	72
5.3.2 Tampilan Halaman Data Uji .....	72
5.3.3 Tampilan Halaman Aturan <i>Fuzzy</i> .....	73
5.3.4 Tampilan Halaman Hasil Diagnosis .....	73
BAB 6 PENGUJIAN .....	74
6.1 Hasil Pengujian Nilai Populasi.....	74
6.2 Hasil Pengujian Nilai Generasi .....	75
6.3 Hasil Pengujian Nilai Kombinasi <i>Crossover rate &amp; Mutation rate</i> .....	76
6.4 Hasil Pengujian Nilai Parameter Terbaik .....	77
BAB 7 PENUTUP .....	80
7.1 Kesimpulan .....	80
7.2 Saran .....	80
DAFTAR PUSTAKA.....	82
LAMPIRAN A PARAMETER <i>HIV</i> .....	84
LAMPIRAN B PERBANDINGAN HASIL PAKAR DAN <i>FUZZY TSUKAMOTO</i> .....	86
LAMPIRAN C PERBANDINGAN HASIL PAKAR DAN <i>FUZZY TSUKAMOTO</i> TEROPTIMASI .....	89
LAMPIRAN D FUNGSI KEANGGOTAAN .....	92

## DAFTAR TABEL

Tabel 2. 1 Penjelasan Gejala Penyakit.....	8
Tabel 4. 1 Data Parameter Penyakit <i>HIV</i> .....	22
Tabel 4. 2 Nilai Bobot dari Gejala.....	25
Tabel 4. 3 Nilai Penentuan Hasil diagnosis penyakit <i>HIV</i> .....	35
Tabel 4. 4 Potongan Basis Pengetahuan .....	37
Tabel 4. 5 Contoh Gejala <i>HIV</i> Berdasarkan Masukan User .....	39
Tabel 4. 6 Potongan Perbandingan Hasil Pakar dengan Hasil <i>Fuzzy Tsukamoto</i> ..	43
Tabel 4. 7 Potongan Perbandingan Akurasi untuk Kromosom P1 .....	48
Tabel 4. 8 Inisialisasi Kromosom Pada Populasi Awal.....	51
Tabel 4. 9 <i>Offspring</i> Hasil <i>Crossover</i> .....	53
Tabel 4. 10 <i>Offspring</i> Hasil <i>Mutation</i> .....	55
Tabel 4. 11 Hasil Individu Gabungan.....	55
Tabel 4. 12 Nilai <i>Fitness</i> Individu Gabungan .....	57
Tabel 4. 13 Hasil Individu Gabungan Berdasarkan Nilai <i>Fitness</i> Terbaik .....	59
Tabel 4. 14 Hasil Seleksi Berdasarkan Nilai <i>Fitness</i> Terbaik.....	59
Tabel 4. 15 Perancangan Pengujian Ukuran Populasi.....	62
Tabel 4. 16 Perancangan Pengujian Ukuran Generasi .....	63
Tabel 4. 17 Perancangan Pengujian Kombinasi <i>Crossover Rate</i> & <i>Mutation Rate</i>	64
Tabel 4. 18 Hasil Perbandingan Pakar, <i>Fuzzy Tsukamoto</i> dan <i>Fuzzy Tsukamoto</i> Teroptimasi .....	64
Tabel 6. 1 Pengujian Nilai Populasi .....	74
Tabel 6. 2 Pengujian Nilai Generasi.....	75
Tabel 6. 3 Pengujian Kombinasi <i>Crossover Rate</i> dan <i>Mutation Rate</i> .....	76
Tabel 6. 4 Hasil Perbandingan Pakar, <i>Fuzzy Tsukamoto</i> dan <i>Fuzzy Tsukamoto</i> Teroptimasi .....	77

## DAFTAR GAMBAR

Gambar 2. 1 Diagram Blok Proses Inferensi Fuzzy .....	12
Gambar 2. 2 Fungsi Keanggotaan Linear Naik .....	13
Gambar 2. 3 Fungsi Keanggotaan Linear Turun .....	13
Gambar 2. 4 Fungsi Keanggotaan Linear Segitiga .....	14
Gambar 2. 5 Fungsi Keanggotaan Linear Trapesium .....	14
Gambar 2. 6 Contoh Inisialisasi Kromosom .....	16
Gambar 2. 7 Contoh Reproduksi Pindah Silang ( <i>One-cut Point</i> ).....	16
Gambar 2. 8 Reproduksi Mutasi ( <i>Reciprocal Exchange Mutation</i> ).....	17
Gambar 2. 9 Reproduksi Mutasi ( <i>Insertion Mutation</i> ) .....	17
Gambar 3. 1 Diagram Blok Metodologi Penelitian .....	18
Gambar 4. 1 Diagram Alir Siklus <i>Fuzzy Tsukamoto</i> .....	24
Gambar 4. 2 Fungsi Keanggotaan <i>Sarkoma Kaposi</i> .....	26
Gambar 4. 3 Fungsi Keanggotaan <i>Pneumonia</i> .....	27
Gambar 4. 4 Fungsi Keanggotaan Riwayat Keluarga .....	28
Gambar 4. 5 Fungsi Keanggotaan Pola Hidup.....	29
Gambar 4. 6 Fungsi Keanggotaan Demam.....	29
Gambar 4. 7 Fungsi Keanggotaan Penurunan Kesadaran.....	30
Gambar 4. 8 Fungsi Keanggotaan Berat Badan .....	31
Gambar 4. 9 Fungsi Keanggotaan Diare.....	31
Gambar 4. 10 Fungsi Keanggotaan Batuk .....	32
Gambar 4. 11 Fungsi Keanggotaan Kelainan Kulit .....	33
Gambar 4. 12 Fungsi Keanggotaan <i>Limfadenopati Generalisata</i> .....	34
Gambar 4. 13 Fungsi Keanggotaan Pekerjaan .....	34
Gambar 4. 14 Diagram Alir Siklus Algoritma Genetika .....	46
Gambar 4. 15 Representasi Kromosom .....	47
Gambar 4. 16 Kromosom P1 .....	47
Gambar 4. 17 Diagram Alir Inisialisasi Populasi Awal .....	50
Gambar 4. 18 Diagram Alir <i>Crossover (One-Cut Point)</i> .....	52
Gambar 4. 19 Proses <i>Crossover (One-Cut Point)</i> .....	53
Gambar 4. 20 Diagram Alir <i>Mutation (Reciprocal Exchange)</i> .....	54
Gambar 4. 21 Proses <i>Mutation (Reciprocal Exchange)</i> .....	55
Gambar 4. 22 Diagram Alir Proses Perhitungan <i>Fitness</i> .....	56

Gambar 4. 23 Diagram Alir Proses Seleksi .....	58
Gambar 4. 24 Rancangan Halaman Utama .....	60
Gambar 4. 25 Rancangan Halaman Data Uji .....	60
Gambar 4. 26 Rancangan Halaman Aturan Pakar .....	61
Gambar 4. 27 Rancangan Halaman Hasil .....	62
Gambar 5. 1 Implementasi Halaman Utama .....	72
Gambar 5. 2 Implementasi Halaman Data Uji .....	72
Gambar 5. 3 Implementasi Halaman Aturan Pakar .....	73
Gambar 5. 4 Implementasi Halaman Hasil .....	73
Gambar 6. 1 Pengujian Nilai Populasi .....	75
Gambar 6. 2 Pengujian Nilai Generasi .....	76
Gambar 6. 3 Pengujian Nilai <i>Crossover Rate</i> dan <i>Mutation Rate</i> .....	77





## DAFTAR KODE PROGRAM

Kode Program 5. 1 Kode Program Implementasi Populasi Awal .....	67
Kode Program 5. 2 Kode Program Implementasi <i>Crossover</i> .....	69
Kode Program 5. 3 Kode Program Implementasi <i>Mutation</i> .....	69
Kode Program 5. 4 Kode Program Implementasi Nilai <i>Fitness</i> .....	70
Kode Program 5. 5 Kode Program Implementasi Seleksi.....	71



## BAB 1 PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Penyakit menular seks diartikan sebagai penyakit yang dapat ditularkan atau berpindah dari orang satu ke orang yang lain, baik secara langsung maupun tidak langsung atau melalui perantara. Penyakit menular ini ditandai dengan adanya penyebab penyakit yang hidup dan mampu untuk berpindah serta menyerang penderita. Dalam dunia medis, pengertian penyakit menular adalah sebuah penyakit yang disebabkan oleh sebuah agen biologi seperti virus, bakteri atau parasit dan bukan disebabkan oleh faktor fisik seperti luka bakar atau kimia seperti keracunan ([www.mencegahpenyakit.com](http://www.mencegahpenyakit.com)). *HIV* adalah singkatan dari *Human Immunodeficiency Virus*. Virus ini menyerang sistem kekebalan tubuh dan melemahkan kemampuan tubuh untuk melawan infeksi dan penyakit. *HIV* adalah jenis virus yang rapuh dan tidak dapat bertahan lama saat berada di luar tubuh manusia. Meskipun *HIV* adalah penyakit kelamin namun penularannya dapat juga melalui transfusi darah, jarum suntik yang tercemar (pada pecandu narkotika, tindik dan tato) dan pada pekerja tertentu (Hawari, 2016).

*HIV* bekerja dengan cara mencari sel T dari darah putih manusia lalu masuk dan memaksa sel T untuk mencetak virus *HIV* yang baru. Secara fisiologis *HIV* menyerang sistem kekebalan tubuh dari manusia, jika ditambah dengan stress yang cukup berkepanjangan pada pasien yang terinfeksi *HIV*, maka akan dapat mempercepat terjadinya *AIDS*. Bahkan meningkatkan angka kematian (Nursalam, 2011).

Di Indonesia, sejak pertama kali ditemukannya infeksi *HIV* pada tahun 1987 *HIV* telah tersebar di 368 dari 497 kabupaten/kota di seluruh provinsi dan pulau Bali merupakan provinsi pertama tempat ditemukannya infeksi *HIV/AIDS* di Indonesia (KemenKes, 2014). Dari awal ditemukan *HIV* sampai pada desember tahun 2016 secara kumulatif terdapat sekitar 232 ribu orang telah mengidap *HIV* (Ditjen PP & PL KemenKes RI, 2016).

Penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016) telah merancang dan membuat sebuah sistem pakar untuk mendiagnosis penyakit *HIV* dengan menggunakan metode *fuzzy* Tsukamoto. Sistem pakar tersebut diharapkan mampu membantu orang yang ingin melakukan tes awal atau dini untuk mengetahui kemungkinan tinggi atau tidaknya menjadi penderita *HIV/AIDS* (Vika Lailiyah, 2016). Namun hasil akurasi yang diperoleh setelah melakukan uji coba terhadap sistem pada penelitian tersebut sebesar 85%, dimana dari data yang telah diuji terdapat 3 kasus yang tidak presisi antara sistem dan kasus yang sebenarnya terjadi.

Berdasarkan hasil akurasi yang didapatkan pada penelitian sebelumnya, penulis berusaha untuk memperbaiki dan melakukan optimasi terhadap fungsi keanggotaan yang telah ditentukan sebelumnya. Hal tersebut dilakukan karena fungsi keanggotaan berperan penting dalam merepresentasikan masalah dan menghasilkan keputusan yang akurat dalam mendiagnosa penyakit *HIV* pada

seorang pasien. Oleh karena itu dalam penelitian ini akan dilakukan penentuan batasan fungsi keanggotaan yang baru sehingga diharapkan dapat meningkatkan tingkat akurasi dari penelitian sebelumnya.

Algoritme genetika sebagai salah satu algoritme yang populer dalam melakukan optimasi karena kemampuannya untuk menyelesaikan berbagai masalah yang obyektif dan kompleks dengan banyak variabel. Algoritme ini banyak digunakan banyak digunakan dalam bidang fisika, biologi, ekonomi, sosiologi, dan bidang lainnya yang menghadapi masalah optimasi kompleks atau sulit untuk dibangun (Mahmudy, 2013).

Beberapa penelitian menggunakan algoritme genetika sebagai metode dalam menyelesaikan masalah untuk mendapatkan solusi maksimal dengan waktu yang cepat (Widodo & Mahmudy, 2010). Salah satu penelitian yang menggunakan algoritme genetika dilakukan oleh Diva Kurnianingtyas pada tahun 2017 Penelitian ini bertujuan untuk mendiagnosa penyakit yang ada pada sapi potong dan menghasilkan nilai akurasi 98,04%. Dengan menggunakan parameter genetika terbaik antara lain ukuran populasi sebesar 80, ukuran generasi sebesar 15, nilai *Crossover* rate (Cr) sebesar 0,9, dan nilai *Mutation* rate (Mr) sebesar 0,06.

Berdasarkan dari pemaparan permasalahan dan penelitian sebelumnya, maka penulis mengusulkan judul “Penerapan Algoritme Genetika Pada Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi *Fuzzy* Tsukamoto Untuk Diagnosis Penyakit *HIV*”. Penulis akan menerapkan algoritme genetika untuk mengoptimasi solusi pada penelitian sebelumnya yang telah dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016). Pada penelitian ini digunakan data uji yang sama dengan penelitian sebelumnya untuk mendapatkan perbandingan solusi terbaik.

## 1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang yang telah dipaparkan, maka rumusan masalah yang terbentuk adalah:

1. Bagaimana pengaruh algoritme genetika pada optimasi *fuzzy* Tsukamoto untuk diagnosis penyakit *HIV*?
2. Bagaimana cara menentukan nilai parameter algoritme genetika terbaik untuk optimasi *fuzzy* Tsukamoto?
3. Bagaimana tingkat akurasi *fuzzy* Tsukamoto yang telah dioptimasi menggunakan algoritme genetika?

## 1.3 Tujuan

Berikut tujuan yang ingin dicapai oleh penulis dari penelitian ini antara lain:

1. Mengetahui pengaruh algoritme genetika pada optimasi *fuzzy* Tsukamoto untuk diagnosis penyakit *HIV*.
2. Mengetahui cara menentukan nilai parameter algoritme genetika terbaik untuk optimasi *fuzzy* Tsukamoto.
3. Mengetahui tingkat akurasi optimasi *fuzzy* Tsukamoto dengan menggunakan algoritme genetika.

## 1.4 Manfaat

Berikut manfaat yang diharapkan dari penelitian ini antara lain:

1. Memberikan pengetahuan yang lebih tentang penerapan algoritme genetika pada diagnosis penyakit *HIV*.
2. Memberikan alternative metode perhitungan dengan solusi yang lebih baik dalam diagnosi penyakit *HIV*.

## 1.5 Batasan Masalah

Agar penelitian yang dilakukan lebih terfokus dan terarah, maka dapat dibuat batasan masalah sebagai berikut:

1. Data yang digunakan dalam penelitian ini berasal dari penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016) pada RSUD Dr. Moch. Saleh Probolinggo.
2. Beberapa variabel yang akan digunakan dalam penelitian ini adalah *sarkoma kaposi*, *pneumonia*, riwayat keluarga, pola hidup, demam, penurunan kesadaran dan gangguan *neurologis*, berat badan, diare, batuk, kelainan kulit, *limfadenopati generalisata* dan pekerjaan.

## 1.6 Sistematika Pembahasan

Penulisan skripsi ini disusun berdasarkan sistematika penulisan sebagai berikut:

### BAB 1 Pendahuluan

Membahas tentang latar belakang, rumusan masalah yang akan dibahas, tujuan dan manfaat yang ingin dicapai, batasan masalah, dan sistematika dari penulisan laporan penelitian Penerapan Algoritme Genetika Pada Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi *Fuzzy Tsukamoto* Untuk Diagnosis Penyakit *HIV*.

### BAB 2 Tinjauan Pustaka

Berisi pembahasan mengenai kajian pustaka atau referensi dasar teori yang berhubungan dengan *HIV*, diagnosis penyakit *HIV*, optimasi menggunakan algoritme genetika.

### BAB 3 Metodologi

Berisi metode dan langkah kerja yang dilakukan dalam melakukan penelitian yang terdiri dari studi literatur, analisis kebutuhan, metode pengambilan data, perancangan sistem, implementasi, pengujian dan pengambilan kesimpulan yang berhubungan dengan *HIV*, diagnosis penyakit *HIV*, optimasi menggunakan algoritme genetika.

### BAB 4 Perancangan

Bab ini membahas analisis kebutuhan dan perancangan Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi *Fuzzy Tsukamoto* Untuk Diagnosis Penyakit *HIV*.



## **BAB 5 Implementasi**

Bab ini membahas Implementasi perangkat lunak Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi *Fuzzy Tsukamoto Untuk Diagnosis Penyakit HIV* sesuai dengan perancangan sistem yang telah dibuat.

## **BAB 6 Pengujian**

Bab ini membahas pengujian perangkat lunak Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi *Fuzzy Tsukamoto Untuk Diagnosis Penyakit HIV* sesuai dengan perancangan sistem yang telah dibuat.

## **BAB 7 Kesimpulan**

Memuat penutupan yang diperoleh dari perancangan sampai kesimpulan perangkat lunak yang dirancang dan juga saran-saran untuk pengembangan Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi *Fuzzy Tsukamoto Untuk Diagnosis Penyakit HIV*.



## BAB 2 LANDASAN KEPUSTAKAAN

### 2.1 Kajian Pustaka

Kajian pustaka pada penelitian ini berdasarkan penelitian sebelumnya yang menggunakan metode algoritme genetika dengan objek yang berbeda.

Penelitian yang dilakukan oleh Alfiani Fitri pada tahun 2017 yang berjudul “Optimasi Keanggotaan Fuzzy Tsukamoto Menggunakan Algoritma Genetika pada Penentuan Prioritas Penerima Zakat” yang bertujuan untuk menyeleksi penerima zakat melalui beberapa kriteria yang telah ditentukan agar zakat tersebut tepat sasaran. Pada penelitian tersebut menyebutkan bahwa menggunakan metode *fuzzy* Tsukamoto saja belum dapat memberikan hasil yang optimal sehingga diperlukan algoritme genetika untuk mengoptimasi batasan fungsi keanggotaan *fuzzy*. Dengan menggunakan algoritme genetika mampu menaikkan hasil akurasi yang sebelumnya sebesar 0.725 menjadi 0.845 dan dengan menambahkan mekanisme algoritme perbaikan kromosom *hill climbing* kembali dapat meningkatkan akurasi menjadi 0.986.

Penelitian yang dilakukan Zanzabila pada tahun 2016 yang berjudul “Optimasi Fungsi Keanggotaan *Fuzzy Inference System* Tsukamoto Menggunakan Algoritme Genetika Untuk Sistem Diagnosa Penyakit Tiroid” yaitu yang bertujuan untuk melakukan diagnosis penyakit tiroid pada manusia. Penelitian ini dilakukan untuk melakukan diagnosis penyakit tiroid yang menyerang salah satu kelenjar yang berfungsi mengontrol metabolisme pada tubuh manusia. Masukan yang digunakan merupakan 5 nilai tes yaitu *t3-resin test*, total serum *thyroxin*, total serum *triiodothyronine*, basal *TSH* dan maksimal nilai perbedaan dari hasil *TSH*. Nilai keluaran yang diberikan terbagi menjadi 3 kategori yaitu normal, *hypertiroidism* dan *hypotiroidism*. Sistem tersebut memberikan hasil akurasi sebesar 86% dari 215 data *UCI repository* yang digunakan. Parameter algoritme yang menghasilkan solusi optimal yaitu dengan nilai  $Cr = 0,7$  dan  $Mr = 0.3$  dengan populasi sebesar 80 dan generasi sebanyak 100.

Penelitian yang dilakukan Qoirul Kotimah pada tahun 2016 yang berjudul “Penerapan Algoritme Genetika Pada Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi *Fuzzy* Tsukamoto Untuk Penentuan Kualitas Air Sungai” yang bertujuan untuk mengetahui kualitas air sungai apakah telah tercemar oleh limbah rumah tangga ataupun pabrik. Kualitas air sungai dapat ditentukan ke dalam 4 kelas yang berbeda sesuai kriteria-kriteria yang ada. Keluaran yang dihasilkan dari sistem adalah kualitas ke dalam 4 kelas yang telah ditentukan, akurasi yang dihasilkan yaitu sebesar 95%.

Penelitian yang dilakukan oleh Diva Kurnianingtyas pada tahun 2017 yang berjudul “Optimasi Derajat Keanggotaan *Fuzzy* Tsukamoto Menggunakan Algoritme Genetika Untuk Diagnosis Penyakit Sapi Potong”. Penelitian ini bertujuan untuk mendiagnosa penyakit yang ada pada sapi potong, dimana diagnosis dilakukan berdasarkan Batasan gejala penyakit dan aturan aturan yang diperoleh dari pakar. Pengujian dilakukan pada 51 data dari beberapa gejala

penyakit dan menghasilkan nilai akurasi 98,04%. Dengan menggunakan parameter genetika terbaik antara lain ukuran populasi sebesar 80, ukuran generasi sebesar 15, nilai *Crossover rate* (*Cr*) sebesar 0,9, dan nilai *Mutation rate* (*Mr*) sebesar 0,06.

Penelitian yang dilakukan oleh Evi Nur Azizah pada tahun 2015 yang berjudul “Optimasi Fungsi Keanggotaan *Fuzzy* Tsukamoto Menggunakan Algoritme Genetika Untuk Penentuan Harga Jual Rumah”. Penelitian ini bertujuan untuk menentukan harga jual sebuah rumah dengan mempertimbangkan beberapa variabel. Keluaran yang dihasilkan dari sistem adalah harga dari rumah. Berdasarkan pengujian yang dilakukan sistem mampu menghasilkan nilai MAPE dengan *error* sebesar 0.1369 dengan nilai *fitness* sebesar 0.8796.

Penelitian yang dilakukan oleh Marwa Mudrikatussalamah pada tahun 2017 yang berjudul “Optimasi Fungsi Keanggotaan *Fuzzy* Menggunakan Algoritma Genetika Dalam Penentuan Kebutuhan Gizi Bayi MPASI”. Penelitian ini bertujuan untuk menentukan kebutuhan gizi pada bayi berdasarkan status gizi pada bayi. Berdasarkan pengujian yang dilakukan sistem mampu memberikan hasil akurasi sebesar 53% dengan parameter algoritme terbaik yaitu nilai populasi 50, generasi 400, dan nilai *cr* dan *mr* 0.2 dan 0.8.

Penelitian yang dilakukan oleh Imam Surya Bimawijaya pada tahun 2016 yang berjudul “Optimasi *Fuzzy* Tsukamoto Dua Tahap Menggunakan Algoritma Genetika Untuk Seleksi Calon Karyawan (Studi Kasus: Perusahaan Bio-2000)”. Penelitian tersebut bertujuan untuk mendapatkan hasil yang optimal dalam menentukan suatu karyawan perusahaan dengan kriteria nilai kecakapan, kepribadian, informasi biografi, wawancara, umur dan riwayat penyakit. Sistem ini mampu memberikan hasil akurasi sebesar 76% dengan parameter algoritme genetika yaitu ukuran populasi sebesar 80, *crossover rate* sebesar 0.5 dan *mutation rate* sebesar 0.5.

## 2.2 Penyakit HIV

*Human Immunodeficiency Virus (HIV)* adalah sebuah virus yang dapat mengakibatkan *Acquired Immunodeficiency Syndrome (AIDS)*. Penyakit tersebut adalah penyakit kelamin yang dapat menyerang manusia dan menyerang sistem imunitas tubuh sehingga tubuh menjadi lemah dalam melawan infeksi, penyakit ini pertama kali menjangkiti kelompok homoseksual di Amerika Serikat sekitar tahun 1980. Virus *HIV/AIDS* awalnya hanya menjangkiti kelompok homoseksual namun kemudian menyebar pada kelompok biseksual lalu menulari wanita tuna susila, laki-laki serta perempuan yang melakukan hubungan seks bebas dan menjangkiti ibu rumah tangga serta bayi kandungannya.

Virus *HIV* tidak akan dapat bertahan lama ketika berada diluar tubuh manusia sehingga tidak dapat melakukan penyebaran dengan sendirinya. Virus *HIV* membutuhkan cairan tubuh manusia sebagai media perantara untuk melakukan reproduksi dan juga untuk menularkan kepada orang lain. Cairan pada tubuh manusia yang dimaksudkan adalah darah, air susu ibu, cairan vagina dan air mani. Tiga metode utama dari penularan virus *HIV*, antara lain (Vika Lailiyah, 2016):

1. Hubungan intim

Penularan *HIV* yang sangat banyak terjadi yaitu dengan melakukan hubungan intim (baik anal atau oral) dengan pengidap penyakit *HIV*. Hubungan intim yang dilakukan secara anal memiliki resiko yang tinggi. Hal tersebut dapat terjadi karena lapisan pada anus (rectum) sangat rentan terjadi luka saat berhubungan intim. Berhubungan intim secara oral juga memiliki tingkat resiko yang tidak rendah. Dengan melakukan hubungan intim secara oral, ketika terdapat luka seperti radang mulut dan juga sariawan dan air mani yang keluar saat terjadi ejakulasi masuk kedalam tubuh. Maka luka-luka tersebut dapat menjadi perantara virus *HIV* masuk kedalam tubuh manusia.

2. Air susu ibu

Saat seorang wanita yang telah terjangkit penyakit *HIV* maka dapat dipastikan sekitar lebih dari 20% sampai 45% dapat menularkan virus *HIV* tersebut kepada anaknya saat mengalami kehamilan, kelahiran ataupun saat masa menyusui.

3. Darah yang terinfeksi *HIV*

Alat injeksi seperti jarum suntik yang tidak steril serta digunakan secara bersama-sama dapat menyebarkan virus *HIV* dengan mudah. Hal tersebut biasa terjadi pada kelompok-kelompok yang menyalahgunakan obat-obatan narkotika dan salah satu dari mereka telah terjangkit virus *HIV*. Alat tatto dan tinduk juga dapat memungkinkan untuk terjadinya penularan virus *HIV*. Selain dari alat injeksi yang tidak steril, hal lain yang juga dapat menyebarkan virus *HIV* yaitu melalui alat kesehatan yang tidak memenuhi kelayakan minimum.

Terdapat 12 gejala yang dapat mengindikasikan seseorang mengidap *HIV* (Vika Lailiyah, 2016), pada Tabel 2.1 ditunjukkan penjelasan setiap gejala berdasarkan parameter untuk menentukan tingkat keparahan dari gejala yang dialami, berikut ini merupakan penjelasan gejala tersebut:

1. *Sarkoma Kaposi*

Merupakan gejala tumbuhnya sebuah tumor pada jaringan ikat dan berkaitan tentang *AIDS*. Pada umumnya tumor tersebut berwarna merah kebiruan pada kulit yang biasanya terlihat pada leher, paha, kaki, lengan dan wajah.

2. *Pneumonia*

Merupakan gejala paru-paru basah yaitu timbulnya radang pada salah satu paru-paru ataupun keduanya. Pada umumnya gejala yang timbul adalah sesak nafas, batuk tidak berdahak, pernafasan yang cepat sampai pada penurunan kadar oksigen di darah.

3. Riwayat Keluarga

Memilik keluarga yang menderita *HIV*.

4. Pola Hidup

Memiliki pola hidup yang rentan untuk terinfeksi *HIV* seperti, seks bebas, homoseksual, tatto, narkotika suntik.

5. Demam

Merupakan naiknya suhu tubuh penderita yang terjadi secara terus-menerus



serta terjadi lebih dari 30 hari. Demam dapat diartikan dengan suhu tubuh lebih dari 39 derajat *celcius* atau naik turun selama lebih dari 1 hari dalam rentan waktu kurang dari 2 hari.

#### 6. Penurunan Kesadaran

Merupakan keadaan yang menyebabkan penderita menjadi tidak sadar bahkan tidak mampu memberikan tanggapan terhadap stimulus.

#### 7. Berat Badan

Merupakan keadaan yang menyebabkan turunya berat badan seorang penderita tanpa penyebab yang jelas, penurunan yang terjadi kurang dari 10% dari berat badan awal penderita mengindikasikan penderita telah tergolong ke dalam stadium 2, sedangkan jika terjadi penurunan lebih dari 10% mengindikasikan penderita tergolong ke dalam stadium 3.

#### 8. Diare

Merupakan gejala berupa penderita mengalami buang air besar berbentuk cair sekitar tiga kali ataupun lebih dalam sehari. Gejala tersebut terjadi dalam kurun waktu sebulan.

#### 9. Batuk

Merupakan gejala yang menyebabkan penderita batuk dalam kurun waktu lebih dari sebulan.

#### 10. Kelainan Kulit

Merupakan gejala yang timbul terkait dengan *dermatosis*, gejala ini dibagi dalam beberapa kategori, yaitu:

- Tidak terjadi kelainan kulit
- Terjadi *dermatosis* pada daerah sekitar mulut dan dapat menyebar ke seluruh bagian kepala, *dermatosis* ini terasa sangat gatal.
- Terjadi *herpes zoster* yang ditandai timbulnya lesi kulit terutama pada punggung atau perut, terkadang juga timbul pada bagian mulut dan wajah.
- Terjadi *oral hairy leukoplakia* yang ditandai timbulnya sariawan pada kategori sedang dan lanjut sesuai dengan keparahan pernafasan.
- Terjadi kandidiasis oleh jamur *Candida albicans*, pada umumnya timbul pada daerah penis, vagina, lipatan kulit, landasan kuku dan mulut.

#### 11. Limfadenopati Generalisata

Merupakan gejala yang menyebabkan terjadinya pembengkakan pada kelenjar getah bening.

#### 12. Pekerjaan

Memiliki pekerjaan yang rentan terhadap terinfeksi *HIV* seperti penaja sex, pelaut, buruh dan pekerjaan lainnya.

**Tabel 2. 1 Penjelasan Gejala Penyakit**

No	Gejala	Parameter	Penjelasan
1	<i>Sarkoma Kaposi</i>	Rendah	Tidak mengalami <i>sarkoma kaposi</i>

		Sedang	Tidak yakin mengalami <i>sarkoma kaposi</i> dikarenakan belum pernah melakukan pemeriksaan terhadap <i>sarkoma kaposi</i>
		Tinggi	Mengalami <i>sarkoma kaposi</i>
2	<i>Pneumonia</i>	Rendah	Tidak mengalami <i>pneumonia</i>
		Sedang	Mengalami <i>pneumonia</i> yang tidak mengancam hidup
		Tinggi	Mengalami <i>pneumonia</i> yang mengancam hidup
3	Riwayat hidup	Rendah	Tidak mempunyai keluarga dengan riwayat terinfeksi <i>HIV</i>
		Sedang	Tidak yakin mempunyai keluarga dengan riwayat terinfeksi <i>HIV</i>
		Tinggi	Mempunyai keluarga dengan riwayat terinfeksi <i>HIV</i>
4	Pola hidup	Tidak	Tidak mempunyai pola hidup yang rentan terinfeksi <i>HIV</i> , baik dulu atau sekarang
		Ya	Mempunyai pola hidup yang rentan terinfeksi <i>HIV</i> , baik dulu atau sekarang
5	Demam	Rendah	Tidak demam atau demam namun dapat sembuh kurang dalam waktu 1 minggu
		Sedang	Demam dalam kurun waktu 1 bulan
		Tinggi	Demam lebih dari 1 bulan
6	Penurunan kesadaran	Tidak	Tidak terjadi penurunan kesadaran
		Ya	Terjadi penurunan kesadaran
7	Berat badan	Rendah	Memiliki berat badan yang normal
		Sedang	Mengalami penurunan berat badan kurang dari 10% dari berat badan awal
		Tinggi	Mengalami penurunan berat badan lebih dari 10% dari berat badan awal
8	Diare	Rendah	Mengalami diare yang normal (tidak berkepanjangan)
		Sedang	Mengalami diare yang bersifat kronis, terjadi lebih dari kurun waktu 2 minggu sampai 1 bulan

		Tinggi	Mengalami diare <i>kriptokokosis</i> yang terjadi selama lebih dari 1 bulan
9	Batuk	Rendah	Tidak menderita batuk atau mengalami batuk namun dapat sembuh kurang dari 1 minggu
		Sedang	Mengalami batuk lebih dari kurun waktu 1 minggu sampai 1 bulan
		Tinggi	Mengalami batuk lebih dari 1 bulan
10	Kelainan kulit	Normal	Tidak terjadi kelainan kulit
		Rendah	Menderita dermatitis, herpes zoster
		Sedang	Mengalami <i>oral hairy leukoplakia</i> , <i>kandidias orofaringeal</i>
		Tinggi	Mengalami <i>herpes simpleks</i> , <i>kandidias di trakea</i> , <i>bronkus</i> , paru-paru, <i>esophagus</i>
11	<i>Limfadenopati Generalisata</i>	Rendah	Tidak mengalami <i>limfadenopati generalisata</i>
		Sedang	Tidak yakin mengalami <i>limfadenopati generalisata</i> dikarenakan belum pernah melakukan pemeriksaan terhadap <i>limfadenopati generalisata</i>
		Tinggi	Mengalami <i>limfadenopati generalisata</i>
12	Pekerjaan	Tidak	Tidak memiliki pekerjaan yang rentan terhadap <i>HIV</i> , baik dulu atau sekarang
		Ya	Memiliki pekerjaan yang rentan terhadap <i>HIV</i> , baik dulu atau sekarang

*Human Immunodeficiency Virus (HIV)* dapat dibagi kedalam beberapa klasifikasi, yaitu (Vika Lailiyah, 2016):

#### 1. Stadium I

Merupakan stadium dimana seseorang baru terinfeksi virus *HIV*, pada umumnya seseorang tidak menunjukkan gejala dan keluhan apapun. Fase ini biasa terjadi dalam kurun waktu 6 minggu sampai beberapa bulan bahkan tahun setelah terjadinya infeksi.

#### 2. Stadium II

Merupakan stadium dimana seseorang setelah beberapa tahun terinfeksi virus *HIV* dan tidak menunjukkan gejala apapun mulai memberikan dampak seperti berat badan turun sampai 10%. Pada stadium ini mulai menunjukkan gejala lain pada mulut dan kulit berskala ringan seperti infeksi jamur, sariawan dan

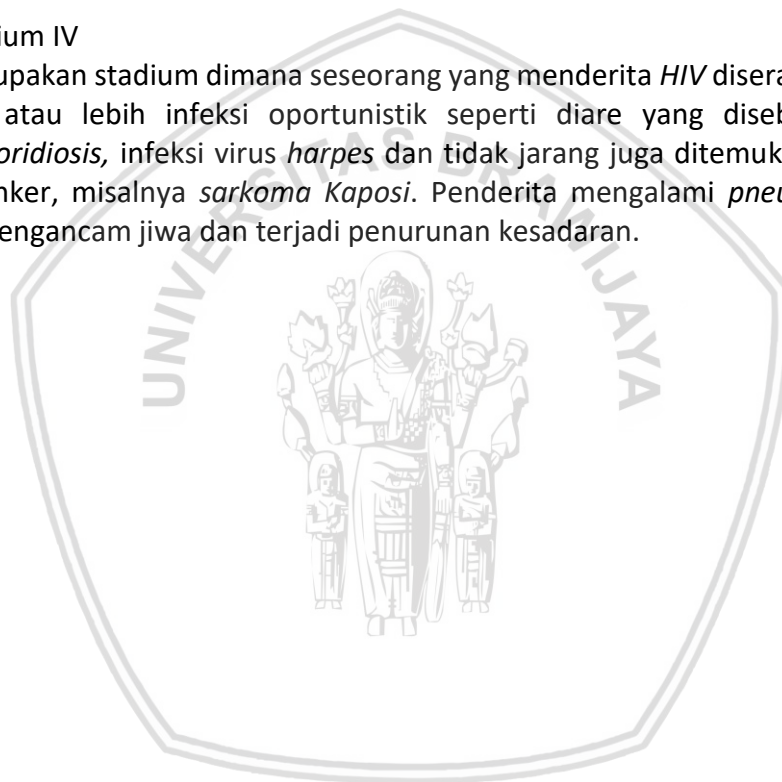
peradangan pada mulut, menderita *herpes zoster* dalam kurun waktu 5 tahun kebelakang.

### 3. Stadium II

Merupakan stadium dimana seseorang yang telah menderita *HIV* semakin menunjukkan penurunan pada berat badan yang cukup signifikan yaitu lebih dari 10%. Penderita mengalami demam cukup lama lebih dari satu bulan baik hilang timbul atau terus menerus dan tidak diketahui penyebabnya, mengalami diare berkepanjangan. Gejala pada mulut menjadi lebih parah seperti sariawan yang disebabkan oleh jamur (*kandidiasis*) serta bercak putih (*oral hairy leukoplakia*). Penderita juga mengalami penyakit pada paru seperti *tuberculosis* dan *pneumonia*, hal tersebut membuat penderita mulai tidak dapat melakukan aktifitasnya dengan normal dan membutuhkan istirahat 12 jam sehari.

### 4. Stadium IV

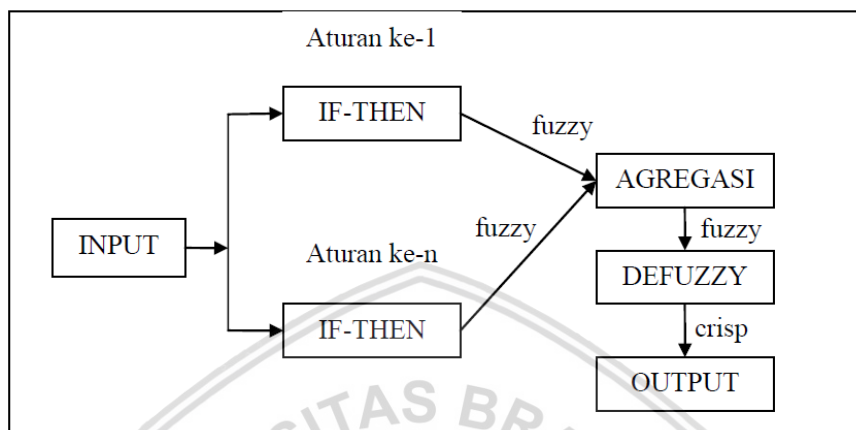
Merupakan stadium dimana seseorang yang menderita *HIV* diserang oleh satu macam atau lebih infeksi oportunistik seperti diare yang disebabkan oleh *kriptosporidiosis*, infeksi virus *herpes* dan tidak jarang juga ditemukan beberapa jenis kanker, misalnya *sarkoma Kaposi*. Penderita mengalami *pneumonia* yang dapat mengancam jiwa dan terjadi penurunan kesadaran.





## 2.3 Fuzzy Inference System Tsukamoto

Sistem Inferensi *Fuzzy* merupakan suatu kerangka komputasi yang didasarkan pada teori himpunan *fuzzy*, aturan *fuzzy* berbentuk *IF-THEN*, dan penalaran *fuzzy* (Kusumadewi & Hartati, 2011). Secara garis besar, diagram blok proses inferensi *fuzzy* ditunjukkan pada Gambar 2.1.



Gambar 2. 1 Diagram Blok Proses Inferensi Fuzzy

Dalam Logika *fuzzy* terdapat beberapa proses yaitu himpunan *fuzzy*, penerapan aturan *IF-THEN* dan inferensi *fuzzy* (Marimin, 2005). Metode Tsukamoto merupakan salah satu metode dari *Fuzzy Inference System*, sistem pengambil keputusan. Tsukamoto merupakan sebuah bentuk implikasi dari setiap aturan berbentuk “Sebab-Akibat” atau “*Input-Output*” dimana anteseden dan konsekuen harus memiliki hubungan. Semua aturan menggunakan himpunan-himpunan *fuzzy* sebagai representasi. Kemudian untuk menentukan hasil tegas (*Crisp Solution*) digunakan rumus penegasan (defuzzifikasi) yang disebut “Metode rata-rata terpusat” atau metode defuzzifikasi rata-rata terpusat (*Center Average Deffuzzyfier*) (Setiadji, 2009).

Struktur umum pada sistem inferensi *fuzzy* Tsukamoto yaitu:

1. Mendapatkan fungsi keanggotaan yang diperoleh dari masing-masing himpunan *fuzzy* pada setiap aturan.
2. Mencari nilai keanggotaan anteseden dari setiap aturan *fuzzy* yang disebut dengan  $\alpha$ -predikat. Nilai  $\alpha$ -predikat kemudian didistribusikan pada fungsi keanggotaan himpunan untuk mendapatkan nilai  $z$  (hasil inferensi), berikut merupakan persamaan untuk mencari nilai  $z$ :

$$z_n = \alpha - \text{predikat} (\text{batas bawah} - \text{batas atas}) + \text{batas atas} \quad (2.1)$$

$\alpha$ -predikat : nilai minimum

$z_n$  : nilai inferensi

Batas atas : Nilai batas atas pada fungsi keanggotaan

Batas bawah : Nilai batas bawah pada fungsi keanggotaan

3. Mendapatkan nilai output atau dikenal dengan nilai  $Z$ , yang diperoleh dengan melakukan defuzifikasi yaitu mengubah input menjadi bilangan pada domain himpunan fuzzy tersebut. Pada metode FIS Tsukamoto menggunakan metode defuzifikasi rata-rata terpusat (*Center Average Defuzzyfier*).

$$Z = \frac{\sum_{i=1}^n \alpha_i Z_i}{\sum_{i=1}^n \alpha_i} \quad (\text{Defuzifikasi rata-rata terpusat}) \quad (2.2)$$

$Z_i$  : nilai *crisp*

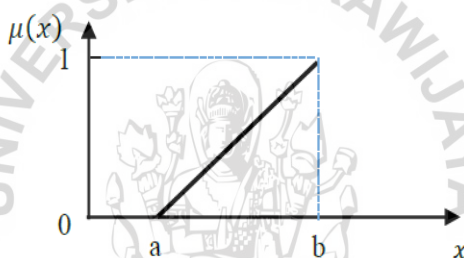
$Z$  : defuzzyfikasi rata-rata terpusat (*Center Average Defuzzyfier*)

$\alpha$ -predikat : nilai minimal dari nilai derajat kenggotaan

### 2.3.1 Fungsi Keanggotaan Himpunan Fuzzy

Fungsi keanggotaan himpunan fuzzy adalah suatu grafik yang terdapat titik-titik dari batas nilai *input* data dalam suatu nilai keanggotaan yang bernilai antara 0 sampai 1. Terdapat beberapa fungsi keanggotaan himpunan fuzzy, antara lain:

- Fungsi keanggotaan linear naik

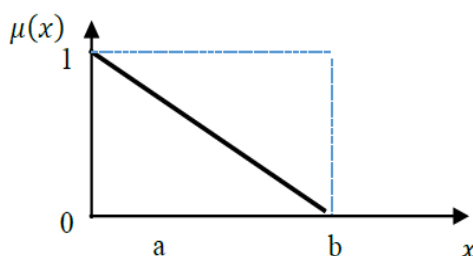


**Gambar 2. 2 Fungsi Keanggotaan Linear Naik**

Dari Gambar 2.2 dapat dibentuk persamaan himpunan fuzzy sebagai berikut:

$$\mu(x) = \begin{cases} 0 & ; \text{jika } x \leq a \\ \frac{x-a}{b-a} & ; \text{jika } a \leq x \leq b \\ 1 & ; x \geq b \end{cases} \quad (2.3)$$

- Fungsi keanggotaan linear turun

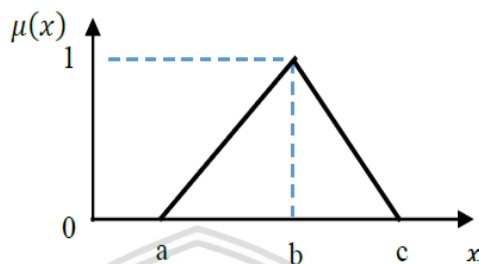


**Gambar 2. 3 Fungsi Keanggotaan Linear Turun**

Dari Gambar 2.3 dapat dibentuk persamaan himpunan fuzzy sebagai berikut:

$$\mu(x) = \begin{cases} \frac{b-x}{b-a}; & \text{jika } a \leq x \leq b \\ 0; & \text{jika } x \geq b \\ 1; & x \leq a \end{cases} \quad (2.4)$$

- Fungsi keanggotaan linear segitiga

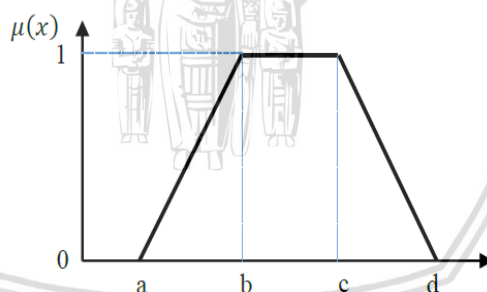


**Gambar 2. 4 Fungsi Keanggotaan Linear Segitiga**

Dari Gambar 2.4 dapat dibentuk persamaan himpunan *fuzzy* sebagai berikut:

$$\mu(x) = \begin{cases} 0; & \text{jika } x \leq a \text{ atau } x \geq c \\ \frac{x-a}{b-a}; & \text{jika } a < x \leq b \\ \frac{c-x}{c-b}; & \text{jika } b < x < c \end{cases} \quad (2.5)$$

- Fungsi keanggotaan linear trapesium



**Gambar 2. 5 Fungsi Keanggotaan Linear Trapesium**

Dari Gambar 2.5 dapat dibentuk persamaan himpunan *fuzzy* sebagai berikut:

$$\mu(x) = \begin{cases} 1; & \text{jika } b < x \leq c \\ \frac{x-a}{b-a}; & \text{jika } a < x \leq b \\ \frac{d-x}{d-c}; & \text{jika } c < x \leq d \end{cases} \quad (2.6)$$

## 2.4 Algoritme Genetika

Algoritme Genetika merupakan algoritme yang metode penyelesaiannya berdasarkan pada mekanisme seleksi alam dan prinsip-prinsip genetika (Goldberg, 1989) yang bertujuan untuk menentukan individu yang berkualitas tinggi pada sebuah populasi. Algoritme genetika diterapkan dalam penyelesaian optimasi yang kompleks dan sulit untuk dilakukan secara konvensional.

Berikut adalah struktur umum pada sebuah algoritme genetika:

1. Pembangkit populasi terbentuk secara acak sejumlah  $n$ -kromosom pada generasi ke-0
2. Evaluasi masing-masing kromosom dengan menghitung nilai *fitness*.
3. Seleksi beberapa kromosom dari sejumlah  $n$ -individu yang memiliki nilai *fitness* terbaik.
4. Rekombinasi kromosom terpilih dengan melakukan proses *crossover* dan *mutation*.
5. Proses seleksi untuk membentuk populasi baru.

Dalam melakukan proses optimasi menggunakan algoritme genetika dibutuhkan parameter-parameter genetika yang berperan dalam pengendalian operator-operator genetika. Beberapa parameter yang paling sering digunakan diantaranya adalah:

1. Fungsi *fitness* pada masing-masing individu, yang digunakan untuk menentukan tingkat kesesuaian individu tersebut dengan kriteria yang akan dicapai.
2. Ukuran populasi yang menunjukkan banyaknya kromosom pada sebuah populasi. Dimana besarnya populasi akan mempengaruhi kecepatan konvergensi.
3. Jumlah generasi yang akan dibentuk. Sama halnya dengan ukuran populasi, jumlah generasi juga mempengaruhi kecepatan konvergensi.
4. Kemungkinan terjadinya *crossover*.
5. Kemungkinan terjadinya *mutation*.

### 2.4.1 Inisialisasi Kromosom

Inisialisasi bertujuan untuk membangun himpunan solusi secara acak yang terbentuk atas sejumlah kromosom yang ditempatkan dalam sebuah populasi yang selanjutnya akan ditentukan ukuran populasi. Nilai populasi (*popSize*) menyatakan banyak individu/*chromosome* yang ditampung pada sebuah populasi. Panjang setiap *string chromosome* (*stringLen*) dihitung berdasarkan presisi variabel solusi yang akan dicari (Mahmudy, 2013).

Sebagai contoh ditentukan *popSize* = 2 dan menggunakan representasi kromosom bilangan dengan tipe *integer*. Contoh inisialisasi kromosom dapat dilihat pada Gambar 2.6.

Parent 1	2	5	1	3	4
Parent 2	4	1	3	5	2

Gambar 2. 6 Contoh Inisialisasi Kromosom

### 2.4.2 Reproduksi

Reproduksi dilakukan untuk menghasilkan keturunan dari individu-individu yang ada di populasi. Himpunan keturunan ini ditempatkan dalam penampungan. Dua operator genetika yang digunakan dalam proses ini adalah tukar silang (*crossover*) dan mutasi (*mutation*) (Mahmudy, 2013). Pada proses reproduksi, setiap individu dari sebuah populasi pada sebuah generasi akan diseleksi berdasarkan nilai fitness untuk menghasilkan keturunan.

#### 1. Pindah Silang (*Crossover*)

Pindah silang (*crossover*) adalah proses pemilihan posisi gen pada sebuah kromosom secara acak dan menukar posisi karakter-karakter gennya untuk menghasilkan kromosom keturunannya. Teknik *crossover* yang digunakan adalah *one-cut point* yang menghasilkan *offspring* dari kombinasi nilai dua induk. Segmen kiri dari kromosom *child* didapatkan dari *parent 1* dan segmen kanan didapatkan dari urutan gen tersisa dari *parent 2* (Mahmudy, 2015). Pada proses ini dibutuhkan adanya nilai *crossover rate* (*cr*). Teknik pindah silang (*One-cut Point*) dapat dilihat pada Gambar 2.7.

	Cut Point ↓				
Parent 1	2	5	1	3	4
Parent 2	4	1	3	5	2
Child	2	5	1	4	3

Gambar 2. 7 Contoh Reproduksi Pindah Silang (*One-cut Point*)

#### 2. Mutasi (*Mutation*)

Mutasi (*mutation*) adalah operasi dalam melakukan modifikasi satu atau lebih gen dalam individu yang sama guna membentuk keturunannya. Proses modifikasi tersebut dilakukan untuk mengembalikan genetik yang hilang. Teknik *reciprocal exchange mutation* adalah teknik mutasi yang sederhana, bekerja dengan memilih dua posisi (*exchange point* / *XP*) secara *random* kemudian menukarkan nilai pada posisi tersebut (Mahmudy, 2013). Pada proses ini dibutuhkan adanya nilai *mutation rate* (*Mr*) sebagai nilai yang menyatakan jumlah individu yang akan dihasilkan. Nilai ini menyatakan rasio *offspring* yang dihasilkan dari proses mutasi terhadap ukuran populasi sehingga akan dihasilkan *offspring* sebanyak  $mr \times popSize$  (Mahmudy, 2015). Teknik mutasi (*reciprocal exchange*) dapat dilihat pada Gambar 2.8.



		$XP_1 \downarrow$			$XP_2 \downarrow$
Parent	4	1	3	5	2
Child	4	2	3	5	1

**Gambar 2. 8 Reproduksi Mutasi (*Reciprocal Exchange Mutation*)**

Teknik lain yang bisa digunakan adalah *insertion mutation*. Teknik ini bekerja dengan memilih satu posisi (*selected point* / SP) secara *random* kemudian mengambil dan menyisipkan nilainya pada posisi lain (*insertion point* / IP) secara *random* (Mahmudy, 2013). Dapat dilihat pada Gambar 2.9.

		$IP_1$			$SP_2 \downarrow$
Parent	4	1	3	5	2
Child	4	2	1	3	5

**Gambar 2. 9 Reproduksi Mutasi (*Insertion Mutation*)**

### 2.4.3 Evaluasi

Evaluasi bertujuan untuk menghitung nilai kebugaran (*fitness*) dari kromosom. Nilai kebugaran menjadi tolak ukur dalam pemilihan generasi selanjutnya. Pada umumnya nilai *offspring* dengan nilai kebugaran yang tinggi akan lolos untuk menjadi generasi selanjutnya. Semakin tinggi nilai kebugaran maka akan semakin baik kromosom tersebut untuk digunakan sebagai calon individu pada generasi berikutnya. Pada kasus pencarian nilai maksimum maka nilai *fitness* dapat dihitung dengan rumus (Mahmudy, 2013):

$$fitness = f(x) \quad (2.7)$$

Sedangkan pada kasus perhitungan nilai maksimum *fitness* dapat dihitung dengan salah satu dari dua rumus dibawah ini (Mahmudy, 2013):

$$fitness = C - f(x) \quad (2.8)$$

$$fitness = \frac{1}{f(x)} \quad (2.9)$$

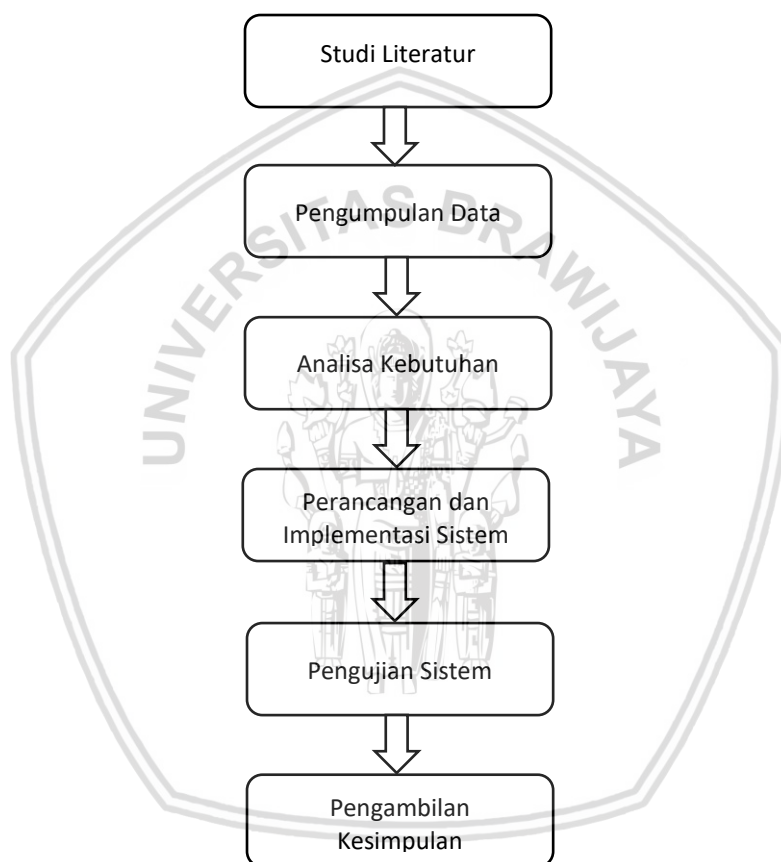
$$fitness = \frac{jumlah\ data\ yang\ presisi}{jumlah\ keseluruhan\ data} \times 100\% \quad (2.10)$$

### 2.4.4 Seleksi

Seleksi bertujuan untuk memilih individu dan *offspring* yang akan digunakan dalam generasi selanjutnya. Semakin tinggi nilai kebugaran maka semakin besar kemungkinan individu tersebut untuk dapat berlanjut pada generasi selanjutnya. Banyak sekali metode yang dapat dipakai dalam melakukan seleksi. Metode yang sering digunakan dalam proses seleksi adalah, *roulette wheel*, *binary tournament* dan *etilism* (Mahmudy, 2013).

## BAB 3 METODOLOGI

Pada bab metodologi ini akan dibahas tentang metode yang digunakan dalam pembuatan Penerapan Algoritme Genetika Pada Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi *Fuzzy* Tsukamoto Untuk Diagnosis Penyakit *HIV*. Metodologi penelitian yang dilakukan dalam penelitian ini melalui beberapa tahapan yaitu, pengumpulan data, studi literatur, analisis kebutuhan, perancangan, implementasi, uji coba, dan kesimpulan. Tahapan-tahapan dalam penelitian tersebut dapat diilustrasikan dengan blok metode penelitian. Gambar 3.1 berikut menunjukkan diagram blok metodologi penelitian.



**Gambar 3. 1 Diagram Blok Metodologi Penelitian**

### 3.1 Studi Literatur

Pada tahap ini studi literatur digunakan sebagai sumber referensi dalam penulisan teori terkait dengan penelitian yang dilakukan penulis. Studi literature yang digunakan berasal dari artikel, jurnal, buku dan skripsi. Teori yang terkait dengan penelitian ini yaitu:

1. Penyakit *HIV*
2. Parameter penyakit *HIV*
3. *Fuzzy Inference System* Tsukamoto
4. Optimasi
5. Algoritme Genetika

### 3.2 Pengumpulan Data

Pada penelitian ini data yang digunakan merupakan data sekunder yang didapatkan dari penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016) dengan judul “Pemodelan Sistem Pakar Diagnosis Penyakit *HIV* Menggunakan Metode *Fuzzy Tsukamoto*”, pada fakultas ilmu komputer. Data yang dipakai merupakan rekam jejak pasien pada salah satu rumah sakit di Probolinggo yang diambil pada tahun 2016. Data yang diperoleh berupa nilai dari setiap parameter dalam mendiagnosis penyakit *HIV* yang berjumlah 12 parameter.

### 3.3 Pengujian Sistem

Pengujian sistem dilakukan dengan melakukan uji ketepatan pada hasil akhir yaitu nilai akurasi sistem yang dihasilkan diharapkan lebih baik dibandingkan dengan penelitian sebelumnya. Pengujian yang akan dilakukan adalah:

1. Pengujian ukuran populasi
2. Pengujian generasi
3. Pengujian kombinasi *crossover rate* dan *mutation rate*
4. Pengujian parameter terbaik terhadap jumlah generasi, populasi, *Cr*, *Mr* yang telah dilakukan.

### 3.4 Analisa Kebutuhan

Analisa kebutuhan dilaksanakan untuk menentukan kebutuhan yang diperlukan dalam membuat sistem agar dapat mencapai tujuan dari penelitian. Analisa kebutuhan disesuaikan dengan variabel penelitian, lokasi penelitian dan kebutuhan penelitian. Kebutuhan yang diperlukan untuk mendukung pembuatan sistem adalah:

1. Kebutuhan perangkat keras
  - Intel (R) Core (TM) i3- 3120M CPU @ 2.50 GHz
  - Memory 2 GB
  - HDD kapasitas 500 GB
  - Monitor 14 inch
2. Kebutuhan perangkat lunak
  - Sistem operasi Windows 10
  - Microsoft Excel 2016
  - NetBeans IDE 8.0

### 3.5 Perancangan Sistem

Penelitian ini membangun sebuah sistem optimasi untuk diagnosis penyakit *HIV* dengan menggunakan algoritme genetika. Sesuai dengan penjelasan pada bab 2, algoritme genetika dianggap mampu dan efektif dalam menyelesaikan masalah optimasi. Algoritme genetika menghasilkan nilai kebugaran yang akan dipakai untuk menentukan generasi selanjutnya yang layak untuk menghasilkan keturunan yang baik.

### 3.6 Implementasi Sistem

Pada penelitian ini implementasi akan merujuk kepada perancangan sebuah sistem yang menggunakan metode algoritme genetika. Tahap yang akan diimplementasikan terdiri dari sebuah sistem yang akan dibangun menggunakan Bahasa pemrograman *Java*, implementasi terhadap tampilan sistem sesuai dengan *desain* dan hasil akhir implementasi sistem adalah diagnosis terhadap penyakit *HIV*.

### 3.7 Kesimpulan

Pengambilan kesimpulan dilakukan setelah seluruh proses perancangan, implementasi sistem dan proses pengujian telah selesai dilakukan. Kesimpulan diperoleh untuk memberikan hasil terhadap permasalahan yang telah dibahas sebelumnya. Tahap terakhir dari penulisan adalah saran yang diberikan guna memperbaiki kesalahan yang terjadi dan mempertimbangkan sebagai bahan penelitian selanjutnya.



## BAB 4 PERANCANGAN

### 4.1 Formulasi Permasalahan

Pada sub bab ini membahas mengenai permasalahan yang akan diselesaikan pada penelitian ini. Permasalahan yang akan dibahas pada penelitian ini yaitu mengenai diagnosis penyakit *HIV* dimana penyakit *HIV* terdiri dari 4 kelas yaitu stadium I, stadium II, stadium III dan stadium IV. Diagnosis penyakit *HIV* dapat dilihat dari masing-masing gejala terkait penyakit *HIV*. Gejala tersebut adalah *sarkoma kaposi*, *pneumonia*, riwayat keluarga, pola hidup, demam, penurunan kesadaran dan gangguan *neurologis*, berat badan, diare, batuk, kelainan kulit, *limfadenopati generalisata* dan pekerjaan. Pada penelitian ini akan dilakukan proses optimasi fungsi keanggotaan agar menghasilkan nilai batasan yang tepat terhadap setiap parameter gejala penyakit *HIV*. Batasan pada himpunan *fuzzy* terlebih dahulu didapatkan dari seorang pakar. Contoh data yang penulis dapatkan dapat lihat pada Tabel 4.1.





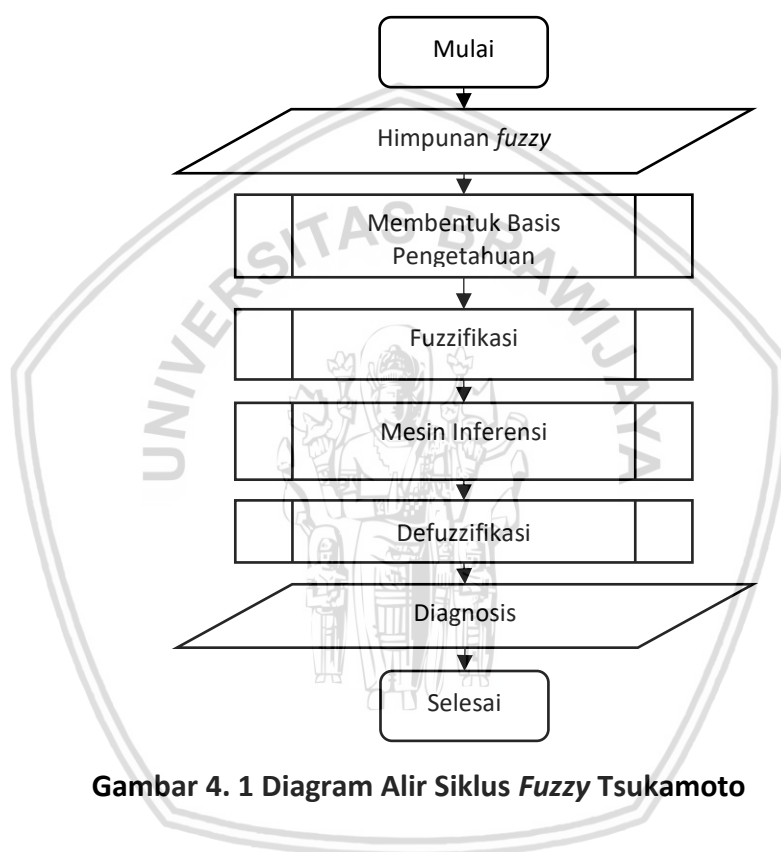
Tabel 4. 1 Data Parameter Penyakit HIV

No	<i>Sarkoma Kaposi</i>	<i>Pneumonia</i>	Riwayat Keluarga	Pola Hidup	Demam	Penurunan kesadaran	Berat badan	Diare	Batuk	Kelainan Kulit	<i>Limfaden opati</i>	Pekerjaan	Status
1	-	-	penjaja sex	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Stadium 1
2	-	-	-	sex bebas	-	-	-	-	-	-	-	-	Stadium 1
3	-	-	-	sex bebas	-	-	-	-	-	-	-	-	Stadium 1
4	-	-	-	sex bebas	-	-	-	-	-	-	-	-	Stadium 1
5	-	-	-	sex bebas	-	-	-	-	-	-	-	-	Stadium 1
6	-	-	suami free sex	-	33	-	13	-	-	<i>dermatitis</i>	-	-	Stadium 2
7	-	-	-	-	-	-	11	-	-	<i>herpes zoster</i>	-	-	Stadium 2
8	-	-	sex bebas	-	35	-	11	-	-	<i>herpes zoster</i>	-	-	Stadium 2
9	-	-	-	narkoba suntik	-	-	-	-	-	<i>herpes zoster</i>	-	-	Stadium 2
10	-	sedang	-	narkoba suntik	35	-	14	-	38	-	-	-	Stadium 3
11	-	sedang	-	sex bebas	40	-	14	35	0	-	-	-	Stadium 3
12	-	sedang	-	sex bebas	54	-	13	-	46	-	-	-	Stadium 3
13	-	sedang	-	sex bebas	54	-	11	-	45	-	-	-	Stadium 3

14	-	-	-	narkoba suntik dan tatto	40	-	13	-	50	-	-	-	Stadium 3
15	-	sedang	-	sex bebas	33	-	11	-	46	kandidas orofaring eal	-	-	Stadium 3
16	-	-	-	sex bebas	-	-	15	33	43	kandidas orofaring eal	-	-	Stadium 3
17	-	-	-	narkoba suntik	32	-	11	-	43	kandidas orofaring eal	-	-	Stadium 3
18	-	parah	-	narkoba suntik dan tatto	33	-	12	-	54	-	-	-	Stadium 4
19	-	-	-	sex bebas	45	-	14	-	63	kandidas orofaring eal	-	-	Stadium 4
20	-	parah	-	sex bebas	40	-	15	46	36	kandidas orofaring eal	-	-	Stadium 4

## 4.2 Siklus Fuzzy Tsukamoto

Pada penelitian ini diagnosa penyakit *HIV* diselesaikan dengan menggunakan metode *fuzzy* Tsukamoto dengan menentukan himpunan *fuzzy* terlebih dahulu berdasarkan batasan yang diperoleh dari pakar. *Fuzzy* Tsukamoto menggunakan representasi pengetahuan dalam format logika preposisi dengan operator *AND* untuk menggabungkan antar variabel input dan Implikasi (*IF-THEN*) untuk menyatakan relasi antara input dan output. Selanjutnya terdapat fungsi *MIN* untuk memperoleh nilai terkecil dari nilai keanggotaan antar dua himpunan *fuzzy*. Kemudian menghitung nilai inferensi dari setiap aturan yang ada. Diagram alir siklus *fuzzy* Tsukamoto dapat dilihat pada Gambar 4.1.



Gambar 4. 1 Diagram Alir Siklus Fuzzy Tsukamoto

### 4.2.1 Pembentukan Himpunan Fuzzy

Dalam *diagnosis* penyakit *HIV* terdapat 13 variabel *fuzzy* yang terdiri dari 12 variabel masukan berupa gejala dan 1 variabel keluaran berupa diagnosa sebagai berikut:

1. Variabel masukan:
  - Sarkoma Kaposi
  - Pneumonia
  - Riwayat keluarga
  - Pola hidup
  - Demam
  - Penurunan kesadaran
  - Berat badan

- Diare
- Batuk
- Kelainan kulit
- *Limfadenopati generalisata*
- Pekerjaan

2. Variabel keluaran:

- Stadium 1
- Stadium 2
- Stadium 3
- Stadium 4

Pada penelitian ini telah ditentukan nilai bobot untuk setiap gejala. Nilai bobot akan dimasukkan ke dalam fungsi keanggotaan setiap gejala sesuai dengan aturan domain. Nilai bobot didapatkan berdasarkan pengetahuan yang diperoleh dari *knowledge engineer*. Data tersebut diperoleh dari penelitian Vika Lailiyah (2016) yang ditunjukkan pada Tabel 4.2.

**Tabel 4. 2 Nilai Bobot dari Gejala**

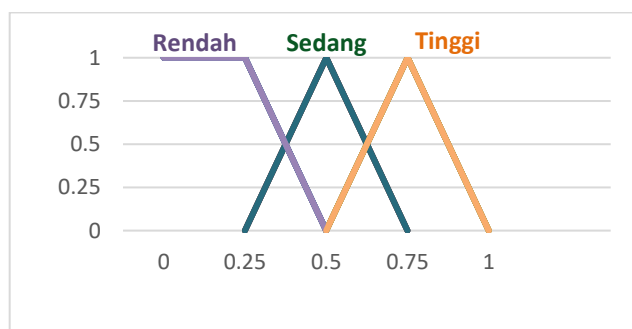
No	Gejala	Parameter	Rentang	Bobot
1	<i>Sarkoma Kaposi</i>	Rendah	0 – 0.25	0.28
		Sedang	0.25 – 0.75	0.51
		Tinggi	0.5 – 1	0.8
2	<i>Pneumonia</i>	Rendah	0 – 0.25	0.28
		Sedang	0.25 – 0.75	0.49
		Tinggi	0.5 – 1	0.8
3	Riwayat keluarga	Rendah	0 – 0.25	0.26
		Sedang	0.25 – 0.75	0.48
		Tinggi	0.5 – 1	0.77
4	Pola hidup	Tidak	0 – 0.25	0.26
		Ya	0.4 – 0.8	0.75
5	Demam	Rendah	0 – 7	Sesuai input user
		Sedang	7 – 30	
		Tinggi	15 – 90	
6	Penurunan kesadaran	Tidak	0 – 0.2	0.22
		Ya	0.5 – 0.8	0.64
7	Berat badan	Rendah	0 – 5	Sesuai input user
		Sedang	5 – 10	

		Tinggi	8 – 20	
8	Diare	Rendah	0 – 15	Sesuai input user
		Sedang	15 – 30	
		Tinggi	25 – 120	
9	Batuk	Rendah	0 - 7	Sesuai input user
		Sedang	7 – 30	
		Tinggi	27 – 110	
10	Kelainan kulit	Rendah	0 – 0.25	0.15
		Sedang	0.25 – 0.75	0.4
		Tinggi	0.5 – 1	0.64
11	<i>Limfadenopati Generalisata</i>	Rendah	0 – 0.25	0.2
		Sedang	0.25 – 0.75	0.38
		Tinggi	0.75 – 1	0.8
12	Pekerjaan	Tidak	0 – 0.4	0.26
		Ya	0.5 – 1	0.63

Dari Tabel 4.2 akan akan ditentukan ketetapan yaitu fungsi keanggotaan yang dibentuk berdasarkan domain setiap variabel pada rentang nilai setiap gejala untuk mengukur masing-masing variabel. Berikut merupakan kurva yang memetakan titik-titik nilai masukan ke dalam nilai keanggotaan dari setiap variabel yang memiliki nilai rentang 0 sampai 120.

a) *Sarkoma Kaposi*

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai sarkoma kaposi terbagi menjadi tiga kelompok yaitu rendah, sedang dan tinggi. Nilai rendah adalah untuk seorang pasien yang tidak mengidap *sarkoma kaposi*, nilai sedang adalah untuk pasien yang tidak yakin terkena *sarkoma kaposi* karna belum melakukan pemeriksaan. Sedangkan untuk nilai tinggi adalah pasien yang telah mengidap *sarkoma kaposi*. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.2.



Gambar 4. 2 Fungsi Keanggotaan *Sarkoma Kaposi*



Dari Gambar 4.2 diperoleh persamaan himpunan fuzzy gejala Sarkoma Kaposi yaitu:

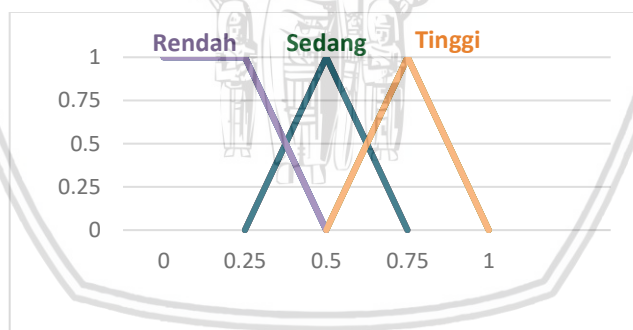
$$\mu_{\text{Rendah}}[x] = \begin{cases} 1, & x \leq 0.25 \\ \frac{0.5-x}{0.5-0.25}, & 0.25 < x \leq 0.5 \\ 0, & x > 0.5 \end{cases} \quad (4.1)$$

$$\mu_{\text{Sedang}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.25, x \geq 0.75 \\ \frac{x-0.25}{0.5-0.25}, & 0.25 < x \leq 0.5 \\ \frac{0.75-x}{0.75-0.5}, & 0.5 < x \leq 0.75 \end{cases} \quad (4.2)$$

$$\mu_{\text{Tinggi}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.5, x \geq 1 \\ \frac{x-0.5}{0.75-0.5}, & 0.5 < x \leq 0.75 \\ \frac{1-x}{1-0.75}, & 0.75 < x \leq 1 \end{cases} \quad (4.3)$$

#### b) *Pneumonia*

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai *pneumonia* terbagi menjadi tiga kelompok yaitu rendah, sedang dan tinggi. Nilai rendah adalah untuk pasien yang tidak terkena *pneumonia*, nilai sedang adalah untuk pasien yang terkena *pneumonia* tetapi tidak membahayakan. Sedangkan untuk nilai tinggi adalah pasien yang telah mengidap *pneumonia*. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.3.



**Gambar 4. 3 Fungsi Keanggotaan *Pneumonia***

Dari Gambar 4.3 diperoleh persamaan himpunan fuzzy gejala Peumonia yaitu:

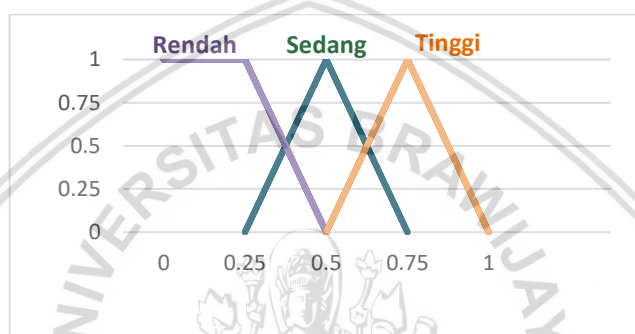
$$\mu_{\text{Rendah}}[x] = \begin{cases} 1, & x \leq 0.25 \\ \frac{0.5-x}{0.5-0.25}, & 0.25 < x \leq 0.5 \\ 0, & x > 0.5 \end{cases} \quad (4.4)$$

$$\mu_{\text{Sedang}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.25, x \geq 0.75 \\ \frac{x-0.25}{0.5-0.25}, & 0.25 < x \leq 0.5 \\ \frac{0.75-x}{0.75-0.5}, & 0.5 < x \leq 0.75 \end{cases} \quad (4.5)$$

$$\mu_{Tinggi}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.5, x \geq 1 \\ \frac{x-0.5}{0.75-0.5}, & 0.5 < x \leq 0.75 \\ \frac{1-x}{1-0.75}, & 0.75 < x \leq 1 \end{cases} \quad (4.6)$$

c) Riwayat keluarga

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai riwayat keluarga terbagi menjadi tiga kelompok yaitu rendah, sedang dan tinggi. Kelompok rendah adalah untuk pasien yang tidak memiliki keluarga yang mengidap *HIV*. Kelompok sedang adalah untuk pasien yang tidak yakin memiliki keluarga yang terinfeksi *HIV*. Kelompok tinggi adalah untuk pasien yang memiliki keluarga yang terinfeksi *HIV*. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.4.



Gambar 4. 4 Fungsi Keanggotaan Riwayat Keluarga

Dari Gambar 4.4 diperoleh persamaan himpunan *fuzzy* gejala riwayat keluarga yaitu:

$$\mu_{Rendah}[x] = \begin{cases} 1, & x \leq 0.25 \\ \frac{0.5-x}{0.5-0.25}, & 0.25 < x \leq 0.5 \\ 0, & x > 0.5 \end{cases} \quad (4.7)$$

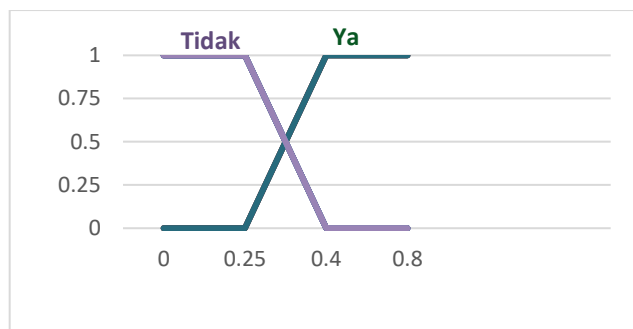
$$\mu_{Sedang}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.25, x \geq 0.75 \\ \frac{x-0.25}{0.5-0.25}, & 0.25 < x \leq 0.5 \\ \frac{0.75-x}{0.75-0.5}, & 0.5 < x \leq 0.75 \end{cases} \quad (4.8)$$

$$\mu_{Tinggi}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.5, x \geq 1 \\ \frac{x-0.5}{0.75-0.5}, & 0.5 < x \leq 0.75 \\ \frac{1-x}{1-0.75}, & 0.75 < x \leq 1 \end{cases} \quad (4.9)$$

d) Pola hidup

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai pola hidup terbagi menjadi tiga kelompok yaitu ya dan tidak. Kategori ya adalah untuk pasien yang tidak memiliki pola hidup beresiko terinfeksi oleh virus *HIV*,

sedangkan tidak adalah untuk pasien yang memiliki pola hidup rentan terhadap HIV baik dahulu atau sekarang. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.5.



**Gambar 4. 5 Fungsi Keanggotaan Pola Hidup**

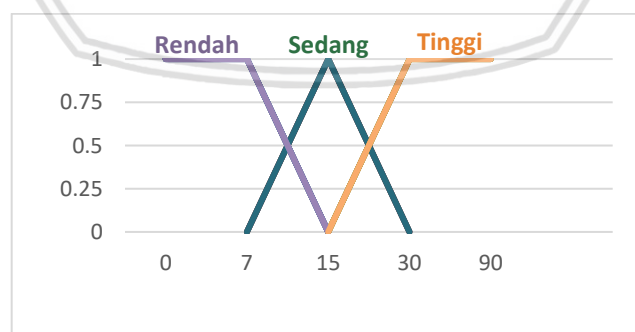
Dari Gambar 4.5 diperoleh persamaan himpunan *fuzzy* gejala pola hidup yaitu:

$$\mu_{Ya}[x] = \begin{cases} 1, & x \leq 0.25 \\ \frac{0.4-x}{0.4-0.25}, & 0.25 < x \leq 0.4 \\ 0, & x > 0.4 \end{cases} \quad (4.10)$$

$$\mu_{Tidak}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.25 \\ \frac{x-0.25}{0.4-0.25}, & 0.25 < x \leq 0.4 \\ 1, & 0.4 \leq x \leq 0.8 \end{cases} \quad (4.11)$$

#### e) Demam

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai demam terbagi menjadi tiga kelompok yaitu rendah, sedang dan tinggi. Kategori rendah untuk pasien yang tidak mengidap demam, kategori sedang adalah seorang pasien yang mengalami demam selama 7 sampai 30 hari sedangkan tinggi adalah untuk seorang pasien yang mengalami demam yang sangat panjang lebih dari 30 hari. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.6.



**Gambar 4. 6 Fungsi Keanggotaan Demam**

Dari Gambar 4.6 diperoleh himpunan *fuzzy* gejala demam yaitu:

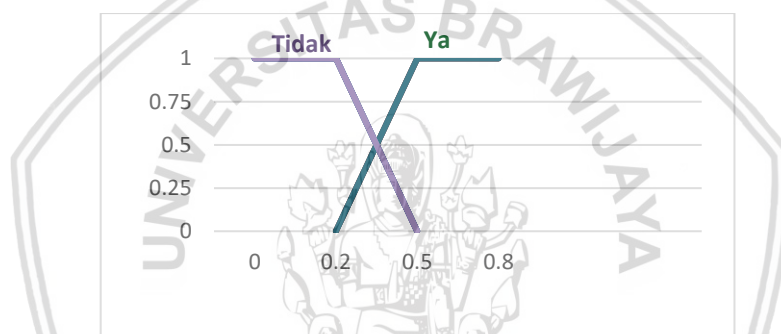
$$\mu_{Rendah}[x] = \begin{cases} 1, & x \leq 7 \\ \frac{15-x}{15-7}, & 7 < x \leq 15 \\ 0, & x > 15 \end{cases} \quad (4.12)$$

$$\mu_{\text{Sedang}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 7, x \geq 30 \\ \frac{x-7}{15-7}, & 7 < x \leq 15 \\ \frac{30-x}{30-15}, & 15 < x \leq 30 \end{cases} \quad (4.13)$$

$$\mu_{\text{Tinggi}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 15 \\ \frac{x-15}{30-15}, & 15 < x \leq 30 \\ 1, & 30 < x \leq 90 \end{cases} \quad (4.14)$$

f) Penurunan kesadaran

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai penurunan kesadaran terbagi menjadi dua kelompok yaitu ya dan tidak. Kelompok ya adalah untuk pasien yang tidak mengalami penurunan kesadaran sedangkan tidak adalah untuk pasien yang mengalami penurunan kesadaran. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.7.



**Gambar 4. 7 Fungsi Keanggotaan Penurunan Kesadaran**

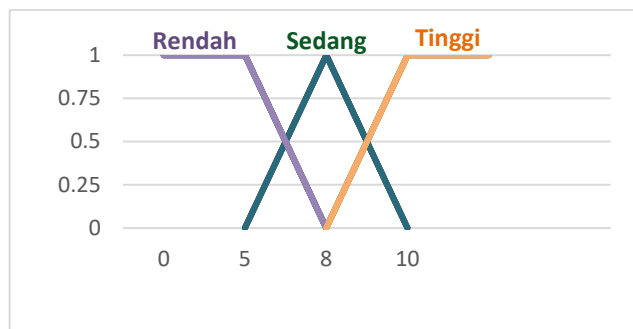
Dari Gambar 4.7 himpunan *fuzzy* gejala penurunan kesadaran yaitu:

$$\mu_{\text{Ya}}[x] = \begin{cases} 1, & 0.5 < x \leq 0.8 \\ \frac{x-0.2}{0.5-0.2}, & 0.2 \leq x \leq 0.5 \\ 0, & x \leq 0.2 \end{cases} \quad (4.15)$$

$$\mu_{\text{Tidak}}[x] = \begin{cases} 0, & x > 0.5 \\ \frac{0.5-x}{0.5-0.2}, & 0.2 < x \leq 0.5 \\ 1, & x \leq 0.2 \end{cases} \quad (4.16)$$

g) Berat badan

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai berat badan terbagi menjadi tiga kelompok yaitu rendah, sedang dan tinggi. Kelompok rendah adalah untuk pasien yang memiliki berat badan yang normal, sedang adalah untuk pasien yang mengalami penurunan berat badan kurang dari 10% dan kelompok tinggi adalah untuk pasien yang mengalami penurunan lebih dari 10%. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.8.



**Gambar 4. 8 Fungsi Keanggotaan Berat Badan**

Dari Gambar 4.8 diperoleh himpunan *fuzzy* gejala berat badan yaitu:

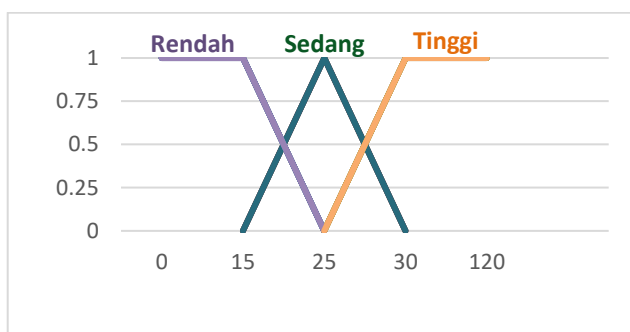
$$\mu_{\text{Rendah}}[x] = \begin{cases} 1, & x \leq 5 \\ \frac{8-x}{8-5}, & 5 < x \leq 8 \\ 0, & x > 8 \end{cases} \quad (4.17)$$

$$\mu_{\text{Sedang}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 5, x \geq 10 \\ \frac{x-5}{8-5}, & 5 < x \leq 8 \\ \frac{10-x}{10-8}, & 8 < x \leq 10 \end{cases} \quad (4.18)$$

$$\mu_{\text{Tinggi}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 8 \\ \frac{x-8}{10-8}, & 8 < x \leq 10 \\ 1, & 10 < x \leq 20 \end{cases} \quad (4.19)$$

#### h) Diare

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai diare terbagi menjadi tiga kelompok yaitu rendah, sedang dan tinggi. Kelompok rendah adalah untuk pasien yang mengalami diare tidak berkepanjangan (normal), kelompok sedang adalah untuk pasien yang mengalami diare selama kurang dari 15 hari dan kelompok tinggi adalah untuk pasien yang mengalami diare *kriptokokosis* selama lebih dari 30 hari yaitu diare cair lebih dari 20lt dalam sehari. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.9.



**Gambar 4. 9 Fungsi Keanggotaan Diare**

Dari Gambar 4.9 diperoleh persamaan himpunan *fuzzy* gejala diare yaitu:



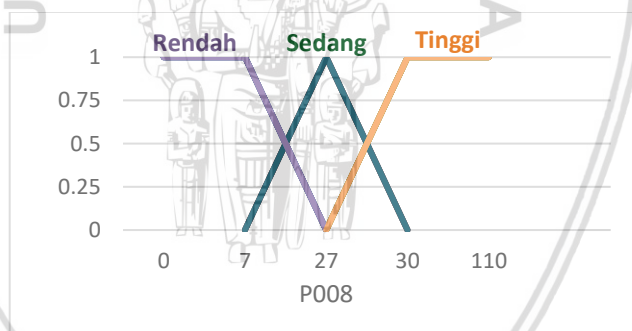
$$\mu_{\text{Rendah}}[x] = \begin{cases} 1, & x \leq 15 \\ \frac{25-x}{25-15}, & 15 < x \leq 25 \\ 0, & x > 25 \end{cases} \quad (4.20)$$

$$\mu_{\text{Sedang}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 15, x \geq 30 \\ \frac{x-15}{25-15}, & 15 < x \leq 25 \\ \frac{30-x}{30-25}, & 25 < x \leq 30 \end{cases} \quad (4.21)$$

$$\mu_{\text{Tinggi}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 25 \\ \frac{x-0.5}{0.75-0.5}, & 0.5 < x \leq 0.75 \\ 1, & 30 < x \leq 120 \end{cases} \quad (4.22)$$

i) Batuk

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai batuk terbagi menjadi tiga kelompok yaitu rendah, sedang dan tinggi. Batuk dengan kelompok rendah adalah untuk pasien yang tidak mengalami batuk atau saat menderita batuk akan sehat kembali dalam waktu kurang dari seminggu. Kelompok sedang adalah untuk pasien yang mengalami batuk selama 7 sampai 30 hari dan kelompok tinggi adalah untuk pasien yang mengalami batuk menetap lebih dari satu bulan. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.10.



**Gambar 4. 10 Fungsi Keanggotaan Batuk**

Dari Gambar 4.10 diperoleh persamaan himpunan *fuzzy* gejala batuk yaitu:

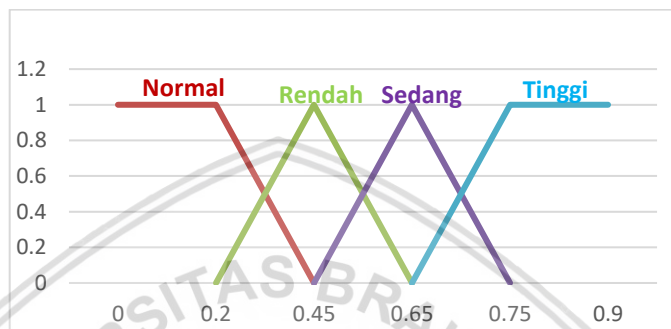
$$\mu_{\text{Rendah}}[x] = \begin{cases} 1, & x \leq 7 \\ \frac{27-x}{27-7}, & 7 < x \leq 27 \\ 0, & x > 27 \end{cases} \quad (4.23)$$

$$\mu_{\text{Sedang}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 7, x \geq 30 \\ \frac{x-7}{27-7}, & 7 < x \leq 27 \\ \frac{30-x}{30-27}, & 27 < x \leq 30 \end{cases} \quad (4.24)$$

$$\mu_{\text{Tinggi}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 27 \\ \frac{30-x}{30-27}, & 27 \leq x \leq 30 \\ 1, & 30 < x \leq 110 \end{cases} \quad (4.25)$$

j) Kelainan kulit

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai kelainan kulit terbagi menjadi empat kelompok yaitu normal, rendah, sedang dan tinggi. Kelompok normal adalah untuk yang tidak mengalami penyakit kulit, kelompok rendah adalah untuk pasien yang mengalami penyakit kulit seperti *herpes zoster* dan *dermatitis*. Kelompok sedang adalah untuk pasien yang mengalami penyakit kulit seperti *oral hairy leukoplakia* dan *kandidiasis orofariangeal*. Kelompok tinggi adalah untuk pasien yang mengalami penyakit kulit seperti *herpes simpleks*, *kandidiasis (esophagus, trakea, paru)*. Rentang nilai ditunjukan pada Gambar 4.11.



Gambar 4. 11 Fungsi Keanggotaan Kelainan Kulit

Dari Gambar 4.11 diperoleh persamaan himpunan fuzzy gejala kelainan kulit yaitu:

$$\mu_{\text{Normal}}[x] = \begin{cases} 1, & 0 < x \leq 0.2 \\ \frac{0.45-x}{0.45-0.2}, & 0.2 < x \leq 0.45 \\ 0, & x \geq 0.45 \end{cases} \quad (4.26)$$

$$\mu_{\text{Rendah}}[x] = \begin{cases} 0, & x < 0.2 \text{ atau } x \geq 0.65 \\ \frac{x-0.2}{0.45-0.2}, & 0.2 < x \leq 0.45 \\ \frac{0.65-x}{0.65-0.45}, & 0.45 < x \leq 0.65 \end{cases} \quad (4.27)$$

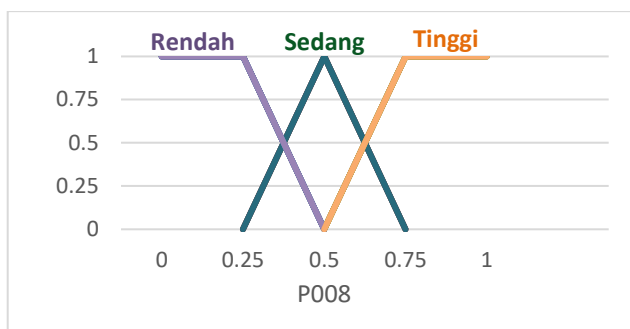
$$\mu_{\text{Sedang}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.45 \text{ atau } x \geq 0.75 \\ \frac{x-0.45}{0.65-0.45}, & 0.45 < x \leq 0.65 \\ \frac{0.75-x}{0.75-0.65}, & 0.65 < x \leq 0.75 \end{cases} \quad (4.28)$$

$$\mu_{\text{Tinggi}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.65 \\ \frac{x-0.65}{0.75-0.65}, & 0.65 < x \leq 0.75 \\ 1, & 0.75 \leq x \leq 0.9 \end{cases} \quad (4.29)$$

k) *Limfadenopati Generalisata*

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai *limfadenopati generalisata* terbagi menjadi tiga kelompok yaitu rendah, sedang dan tinggi. Kelompok rendah adalah untuk pasien yang tidak mengalami *limfadenopati generalisata*. Kelompok sedang adalah untuk pasien yang tidak

yakin mengalami *limfadenopati generalisata* karena belum pernah memeriksa terhadap *limfadenopati generalisata*. Kelompok tinggi adalah pasien yang terkena *limfadenopati generalisata*. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.12.



**Gambar 4. 12 Fungsi Keanggotaan *Limfadenopati Generalisata***

Dari Gambar 4.12 diperoleh persamaan himpunan fuzzy gejala *Limfadenopati Generalisata* yaitu:

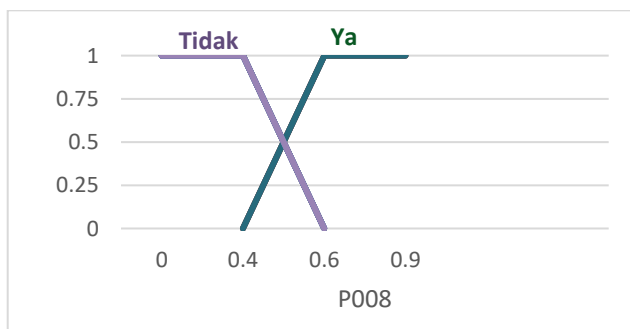
$$\mu_{\text{Rendah}}[x] = \begin{cases} 1, & x \leq 0.25 \\ \frac{0.5-x}{0.5-0.25}, & 0.25 < x \leq 0.5 \\ 0, & x > 0.5 \end{cases} \quad (4.30)$$

$$\mu_{\text{Sedang}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.25, x \geq 0.75 \\ \frac{x-0.25}{0.5-0.25}, & 0.25 < x \leq 0.5 \\ \frac{0.75-x}{0.75-0.5}, & 0.5 < x \leq 0.75 \end{cases} \quad (4.31)$$

$$\mu_{\text{Tinggi}}[x] = \begin{cases} 0, & x \leq 0.5 \\ \frac{x-0.5}{0.75-0.5}, & 0.5 < x \leq 0.75 \\ 1, & x > 0.75 \end{cases} \quad (4.32)$$

#### l) Pekerjaan

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016), nilai pekerjaan terbagi menjadi dua kelompok yaitu ya dan tidak. Kelompok tidak adalah untuk pasien yang tidak memiliki resiko terkena *HIV* pada perkerjaannya dan kelompok ya adalah pasien yang memiliki pekerjaan yang beresiko terkena *HIV* baik dulu atau sekarang. Rentang nilai ditunjukkan pada Gambar 4.13.



**Gambar 4. 13 Fungsi Keanggotaan Pekerjaan**

Dari Gambar 4.13 diperoleh persamaan himpunan *fuzzy* gejala pekerjaan yaitu:

$$\mu_{Ya}[x] = \begin{cases} 1, 0.6 < x < 0.9 \\ \frac{x-0.4}{0.6-0.4}, 0.4 \leq x \leq 0.6 \\ 0, x < 0.4 \end{cases} \quad (4.33)$$

$$\mu_{Tidak}[x] = \begin{cases} 0, x > 0.6 \\ \frac{0.6-x}{0.6-0.4}, 0.4 < x \leq 0.6 \\ 1, x \leq 0.4 \end{cases} \quad (4.34)$$

#### m) Diagnosa

Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016) diberikan klasifikasi hasil akhir dalam mengambil keputusan hasil *diagnosis* dapat dilihat pada Tabel 4.3.

**Tabel 4. 3 Nilai Penentuan Hasil diagnosis penyakit HIV**

Stadium	Rentang Nilai
Stadium 1	0
Stadium 2	0.10 sampai dengan 0.60
Stadium 3	0.61 sampai dengan 0.75
Stadium 4	0.76 sampai dengan 0.8

#### 4.2.2 Pembentukan Basis Aturan Fuzzy

Dalam menentukan diagnosis penyakit *HIV* diperlukan 12 variabel dan setiap variabel memiliki parameter yang berbeda-beda, berikut merupakan setiap parameter dari masing-masing variabel:

- *Sarkoma Kaposi* terdiri dari 3 parameter (rendah, sedang, tinggi)
- *Pneumonia* terdiri dari 3 parameter (rendah, sedang, tinggi)
- Riwayat keluarga terdiri dari 3 parameter (rendah, sedang, tinggi)
- Pola hidup terdiri dari 3 parameter (rendah, sedang, tinggi)
- Demam terdiri dari 3 parameter (rendah, sedang, tinggi)
- Penurunan kesadaran terdiri dari 2 parameter (ya, tidak)
- Berat badan terdiri dari 3 parameter (rendah, sedang, tinggi)
- Diare terdiri dari 3 parameter (rendah, sedang, tinggi)
- Batuk terdiri dari 3 parameter (rendah, sedang, tinggi)
- Kelainan kulit terdiri dari 4 parameter (normal, rendah, sedang, tinggi)
- *Limfadenopati Generalisata* terdiri dari 3 parameter (rendah, sedang, tinggi)
- Pekerjaan terdiri dari 2 parameter (tidak, ya)

Jumlah dari basis pengetahuan yang didapatkan berdasarkan dari penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Vika Lailiyah (2016) yaitu sebanyak 450 aturan. Potongan aturan tersebut dapat dilihat pada Tabel 4.4.

Tabel 4. 4 Potongan Basis Pengetahuan

No	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7	G8	G9	G10	G11	G12	Status
11	rendah	rendah	tinggi	tidak	rendah	tidak	rendah	rendah	rendah	negatif	tinggi	tidak	stadium1
12	rendah	rendah	tinggi	ya	rendah	tidak	rendah	rendah	rendah	negatif	tinggi	tidak	stadium1
13	rendah	rendah	tinggi	tidak	rendah	tidak	rendah	rendah	rendah	negatif	tinggi	ya	stadium1
14	rendah	rendah	sedang	tidak	rendah	tidak	rendah	rendah	rendah	negatif	tinggi	tidak	stadium1
15	rendah	rendah	sedang	ya	rendah	tidak	rendah	rendah	rendah	negatif	tinggi	tidak	stadium1
108	rendah	rendah	rendah	tidak	rendah	tidak	sedang	sedang	rendah	rendah	rendah	ya	stadium2
109	rendah	rendah	tinggi	tidak	rendah	tidak	sedang	rendah	sedang	rendah	rendah	tidak	stadium2
110	rendah	rendah	tinggi	ya	rendah	tidak	sedang	rendah	sedang	rendah	rendah	tidak	stadium2
111	rendah	rendah	tinggi	tidak	rendah	tidak	sedang	rendah	sedang	rendah	rendah	ya	stadium2
112	rendah	rendah	sedang	tidak	rendah	tidak	sedang	rendah	sedang	rendah	rendah	tidak	stadium2
168	rendah	rendah	sedang	tidak	tinggi	ya	tinggi	tinggi	tinggi	sedang	rendah	tidak	stadium3
169	rendah	rendah	sedang	ya	tinggi	ya	tinggi	tinggi	tinggi	sedang	rendah	tidak	stadium3
170	rendah	rendah	sedang	tidak	tinggi	ya	tinggi	tinggi	tinggi	sedang	rendah	ya	stadium3
171	rendah	rendah	rendah	tidak	tinggi	ya	tinggi	tinggi	tinggi	sedang	rendah	tidak	stadium3
172	rendah	rendah	rendah	ya	tinggi	ya	tinggi	tinggi	tinggi	sedang	rendah	tidak	stadium3



173	rendah	rendah	rendah	tidak	tinggi	ya	tinggi	tinggi	tinggi	sedang	rendah	ya	stadium3
174	rendah	rendah	tinggi	tidak	tinggi	ya	tinggi	tinggi	rendah	sedang	sedang	tidak	stadium3
175	rendah	rendah	tinggi	ya	tinggi	ya	tinggi	tinggi	rendah	sedang	sedang	tidak	stadium3
176	rendah	rendah	tinggi	tidak	tinggi	ya	tinggi	tinggi	rendah	sedang	sedang	ya	stadium3
177	rendah	rendah	sedang	tidak	tinggi	ya	tinggi	tinggi	rendah	sedang	sedang	tidak	stadium3
182	tinggi	rendah	tinggi	tidak	rendah	ya	rendah	tinggi	rendah	tinggi	rendah	tidak	stadium4
183	tinggi	rendah	tinggi	ya	rendah	ya	rendah	tinggi	rendah	tinggi	rendah	tidak	stadium4
184	tinggi	rendah	tinggi	tidak	rendah	ya	rendah	tinggi	rendah	tinggi	rendah	ya	stadium4
185	tinggi	rendah	sedang	tidak	rendah	ya	rendah	tinggi	rendah	tinggi	rendah	tidak	stadium4
186	tinggi	rendah	sedang	ya	rendah	ya	rendah	tinggi	rendah	tinggi	rendah	tidak	stadium4

Berdasarkan dari aturan-aturan yang terdapat pada Tabel 4.4 dapat digunakan untuk melakukan perhitungan contoh kasus yang terdapat pada Tabel 4.5.

**Tabel 4. 5 Contoh Gejala HIV Berdasarkan Masukan User**

No	Gejala	Masukan User	Parameter
1	<i>Sarkoma Kaposi</i>	-	Rendah
2	<i>Pneumonia</i>	sedang	Sedang
3	Riwayat keluarga	-	Rendah
4	Pola hidup	-	Tidak
5	Demam	40	Tinggi
6	Penurunan Kesadaran	-	Tidak
7	Berat badan	12%	Sedang
8	Diare	-	Rendah
9	Batuk	50	Tinggi
10	Kelainan kulit	-	Rendah
11	<i>Limfadenopati generalisata</i>	-	Rendah
12	Pekerjaan	-	Tidak

#### 4.2.3 Langkah Fuzzifikasi

Proses perhitungan *fuzzifikasi* dilakukan dengan mengubah nilai tegas yang ada pada setiap variable kedalam fungsi keanggotaan masing-masing variable tersebut. Berikut ini merupakan proses *fuzzifikasi* setiap variable.

- Sarkoma Kaposi***  
 Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.2 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “rendah “ yaitu:  
 $\mu_{\text{rendah}}(0.28) = 0.88$   
 $\mu_{\text{sedang}}(0.28) = 0.12$   
 $\mu_{\text{tinggi}}(0.28) = 0$
- Pneumonia***  
 Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.3 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “sedang” yaitu:  
 $\mu_{\text{rendah}}(0.49) = 0.04$   
 $\mu_{\text{sedang}}(0.49) = 0.96$   
 $\mu_{\text{tinggi}}(0.49) = 0$

- Riwayat keluarga  
Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.4 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “rendah” yaitu:  
 $\mu_{\text{rendah}}(0.26) = 0.96$   
 $\mu_{\text{sedang}}(0.26) = 0.4$   
 $\mu_{\text{tinggi}}(0.26) = 0$
- Pola hidup  
Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.5 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “tidak” yaitu:  
 $\mu_{\text{ya}}(0.26) = 0.06$   
 $\mu_{\text{tidak}}(0.26) = 0.93$
- Demam  
Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.6 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “tinggi” yaitu:  
 $\mu_{\text{rendah}}(40) = 0$   
 $\mu_{\text{sedang}}(40) = 0$   
 $\mu_{\text{tinggi}}(40) = 1$
- Penurunan kesadaran  
Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.7 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “tidak” yaitu:  
 $\mu_{\text{ya}}(0.22) = 0.07$   
 $\mu_{\text{tidak}}(0.22) = 0.93$
- Berat badan  
Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.8 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “sedang” yaitu:  
 $\mu_{\text{rendah}}(12) = 0$   
 $\mu_{\text{sedang}}(12) = 0$   
 $\mu_{\text{tinggi}}(12) = 1$
- Diare  
Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.9 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “rendah” yaitu:  
 $\mu_{\text{rendah}}(0) = 1$   
 $\mu_{\text{sedang}}(0) = 0$   
 $\mu_{\text{tinggi}}(0) = 0$

- **Batuk**  
Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.10 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “tinggi” yaitu:  
 $\mu_{\text{rendah}}(50) = 0$   
 $\mu_{\text{sedang}}(50) = 0$   
 $\mu_{\text{tinggi}}(50) = 1$
- **Kelainan kulit**  
Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.11 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “rendah” yaitu:  
 $\mu_{\text{rendah}}(0.15) = 1$   
 $\mu_{\text{sedang}}(0.15) = 0$   
 $\mu_{\text{tinggi}}(0.15) = 0$
- **Limfadenopati generalisata**  
Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.12 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “rendah” yaitu:  
 $\mu_{\text{rendah}}(0.2) = 1$   
 $\mu_{\text{sedang}}(0.2) = 0$   
 $\mu_{\text{tinggi}}(0.2) = 0$
- **Pekerjaan**  
Berdasarkan fungsi pada Gambar 4.13 didapatkan himpunan *fuzzy* untuk parameter “tidak” yaitu:  
 $\mu_{\text{ya}}(0.26) = 0$   
 $\mu_{\text{tidak}}(0.26) = 1$

#### 4.2.4 Mesin Inferensi

Mencari nilai  $\alpha$ -predikat dilakukan dengan proses perhitungan *fuzzifikasi* berdasarkan aturan-aturan yang telah ditentukan pada Tabel 4.5 serta menggunakan fungsi *MIN* ( $\alpha$ -predikat) dan operasi *AND*. Berdasarkan Tabel 4.4 untuk proses mencari nilai  $\alpha$ -predikat dan persamaan 2.1 untuk mencari nilai  $z$  adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
 [R168] &= \text{MIN} ( \mu_{\text{rendah}}[x1] \cap \mu_{\text{rendah}}[x2] \cap \mu_{\text{sedang}}[x3] \cap \mu_{\text{tidak}}[x4] \\
 &\quad \cap \mu_{\text{tinggi}}[x5] \cap \mu_{\text{ya}}[x6] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x7] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x8] \cap \\
 &\quad \mu_{\text{tinggi}}[x9] \cap \mu_{\text{sedang}}[x10] \cap \mu_{\text{rendah}}[x11] ) \cap \mu_{\text{tidak}}[x12] ) \\
 &= \text{MIN} (0.88, 0.04, 0, 0.93, 1, 0.06, 1, 0, 1, 0, 1, 1) \\
 &= 0 \\
 z &= 0.75
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 [R169] &= \text{MIN} ( \mu_{\text{rendah}}[x1] \cap \mu_{\text{rendah}}[x2] \cap \mu_{\text{sedang}}[x3] \cap \mu_{\text{ya}}[x4] \cap \\
 &\quad \mu_{\text{tinggi}}[x5] \cap \mu_{\text{ya}}[x6] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x7] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x8] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x9] \\
 &\quad \cap \mu_{\text{sedang}}[x10] \cap \mu_{\text{rendah}}[x11] \cap \mu_{\text{tidak}}[x12] ) \\
 &= \text{MIN} (0.88, 0.04, 0, 0.06, 1, 0.06, 1, 0, 1, 0, 1, 1) \\
 &= 0 \\
 z &= 0.75 \\
 [R170] &= \text{MIN} ( \mu_{\text{rendah}}[x1] \cap \mu_{\text{rendah}}[x2] \cap \mu_{\text{sedang}}[x3] \cap \mu_{\text{tidak}}[x4] \\
 &\quad \cap \mu_{\text{tinggi}}[x5] \cap \mu_{\text{ya}}[x6] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x7] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x8] \cap \\
 &\quad \mu_{\text{tinggi}}[x9] \cap \mu_{\text{sedang}}[x10] \cap \mu_{\text{rendah}}[x11] \cap \mu_{\text{ya}}[x12] ) \\
 &= \text{MIN} (0.88, 0.04, 0, 0.93, 1, 0.06, 1, 0, 1, 0, 1, 0) \\
 &= 0 \\
 z &= 0.75 \\
 [R171] &= \text{MIN} ( \mu_{\text{rendah}}[x1] \cap \mu_{\text{rendah}}[x2] \cap \mu_{\text{rendah}}[x3] \cap \mu_{\text{tidak}}[x4] \\
 &\quad \mu_{\text{tinggi}}[x5] \cap \mu_{\text{ya}}[x6] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x7] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x8] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x9] \\
 &\quad \cap \mu_{\text{sedang}}[x10] \cap \mu_{\text{rendah}}[x11] \cap \mu_{\text{tidak}}[x12] ) \\
 &= \text{MIN} (0.88, 0.04, 0.04, 0.93, 1, 0.06, 1, 1, 1, 1, 1, 1) \\
 &= 0.04 \\
 z &= 0.74 \\
 [R172] &= \text{MIN} ( \mu_{\text{rendah}}[x1] \cap \mu_{\text{rendah}}[x2] \cap \mu_{\text{rendah}}[x3] \cap \mu_{\text{ya}}[x4] \cap \\
 &\quad \mu_{\text{tinggi}}[x5] \cap \mu_{\text{ya}}[x6] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x7] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x8] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x9] \\
 &\quad \cap \mu_{\text{sedang}}[x10] \cap \mu_{\text{rendah}}[x11] \cap \mu_{\text{tidak}}[x12] ) \\
 &= \text{MIN} (0.88, 0.04, 0.04, 0.06, 1, 0.06, 1, 1, 1, 1, 1, 1) \\
 &= 0.04 \\
 z &= 0.74 \\
 [R173] &= \text{MIN} ( \mu_{\text{rendah}}[x1] \cap \mu_{\text{rendah}}[x2] \cap \mu_{\text{rendah}}[x3] \cap \mu_{\text{tidak}}[x4] \cap \\
 &\quad \mu_{\text{tinggi}}[x5] \cap \mu_{\text{ya}}[x6] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x7] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x8] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x9] \\
 &\quad \cap \mu_{\text{sedang}}[x10] \cap \mu_{\text{rendah}}[x11] \cap \mu_{\text{ya}}[x12] ) \\
 &= \text{MIN} (0.88, 0.04, 0.04, 0.93, 1, 0.06, 1, 0, 1, 0, 1, 0) \\
 &= 0 \\
 z &= 0.75 \\
 [R174] &= \text{MIN} ( \mu_{\text{rendah}}[x1] \cap \mu_{\text{rendah}}[x2] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x3] \cap \mu_{\text{tidak}}[x4] \cap \\
 &\quad \mu_{\text{tinggi}}[x5] \cap \mu_{\text{ya}}[x6] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x7] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x8] \cap \mu_{\text{rendah}}[x9] \\
 &\quad \cap \mu_{\text{sedang}}[x10] \cap \mu_{\text{sedang}}[x11] \cap \mu_{\text{tidak}}[x12] ) \\
 &= \text{MIN} (0.88, 0.04, 0.96, 0.93, 1, 0.06, 1, 1, 1, 1, 1, 1) \\
 &= 0.04 \\
 z &= 0.64 \\
 [R175] &= \text{MIN} ( \mu_{\text{rendah}}[x1] \cap \mu_{\text{rendah}}[x2] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x3] \cap \mu_{\text{ya}}[x4] \cap \\
 &\quad \mu_{\text{tinggi}}[x5] \cap \mu_{\text{ya}}[x6] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x7] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x8] \cap \mu_{\text{rendah}}[x9] \\
 &\quad \cap \mu_{\text{sedang}}[x10] \cap \mu_{\text{sedang}}[x11] \cap \mu_{\text{tidak}}[x12] ) \\
 &= \text{MIN} (0.88, 0.04, 0.96, 0.06, 1, 0.06, 1, 1, 1, 1, 1, 1) \\
 &= 0.04 \\
 z &= 0.64
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 [R176] &= \text{MIN} ( \mu_{\text{rendah}}[x1] \cap \mu_{\text{rendah}}[x2] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x3] \cap \mu_{\text{tidak}}[x4] \cap \\
 &\quad \mu_{\text{tinggi}}[x5] \cap \mu_{\text{ya}}[x6] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x7] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x8] \cap \mu_{\text{rendah}}[x9] \\
 &\quad \cap \mu_{\text{sedang}}[x10] \cap \mu_{\text{sedang}}[x11] \cap \mu_{\text{ya}}[x12] ) \\
 &= \text{MIN} (0.88, 0.04, 0.96, 0.93, 1, 0.06, 1, 0, 1, 0, 1, 0) \\
 &= 0 \\
 z &= 0.75 \\
 [R177] &= \text{MIN} ( \mu_{\text{rendah}}[x1] \cap \mu_{\text{rendah}}[x2] \cap \mu_{\text{sedang}}[x3] \cap \mu_{\text{tidak}}[x4] \cap \\
 &\quad \mu_{\text{tinggi}}[x5] \cap \mu_{\text{ya}}[x6] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x7] \cap \mu_{\text{tinggi}}[x8] \cap \mu_{\text{rendah}}[x9] \\
 &\quad \cap \mu_{\text{sedang}}[x10] \cap \mu_{\text{sedang}}[x11] \cap \mu_{\text{tidak}}[x12] ) \\
 &= \text{MIN} (0.88, 0.04, 0, 0.93, 1, 0.06, 1, 1, 0, 1, 1, 1) \\
 &= 0 \\
 z &= 0.75
 \end{aligned}$$

#### 4.2.5 Langkah Defuzzifikasi

Menghitung *defuzzifikasi* merupakan proses untuk mendapatkan nilai akhir dan inferensi. Proses perhitungan nilai *defuzzifikasi* dapat menggunakan rumus pada persamaan 2.2. Berikut merupakan perhitungan *defuzzifikasi*:

$$\begin{aligned}
 z &= \frac{(0 \times 0.75) + (0 \times 0.75) + (0 \times 0.75) + (0.04 \times 0.74) + (0.04 \times 0.74) + (0 \times 0.75) + \\
 &\quad (0.04 \times 0.74) + (0.04 \times 0.74) + (0 \times 0.75) + (0 \times 0.75)}{0 + 0 + 0.02 + 0.02 + 0 + 0.02 + 0.02 + 0 + 0 + 0} \\
 z &= \frac{0.11}{0.16} = 0.68
 \end{aligned}$$

Berdasarkan nilai batasan yang telah ditentukan untuk setiap kategori penyakit yang mengacu pada Tabel 4.3, proses dalam menentukan diagnosis *HIV* dilakukan dengan mencocokkan hasil akhir (*defuzzifikasi*) pada fungsi keanggotaan diagnosis *HIV*. Hasil akhir yang diperoleh dari proses *defuzzifikasi* yaitu 0.68 dan termasuk ke dalam penyakit *HIV* kategori Stadium 3.

Jika hasil diagnosis yang dilakukan dengan metode *fuzzy* Tsukamoto sesuai dengan diagnosis oleh pakar, akurasi data uji akan bernilai 1 jika tidak maka hasil akurasi akan bernilai 0. Proses tersebut akan dilakukan terus-menerus pada keseluruhan data uji sebanyak 24 data. Potongan hasil yang didapatkan setelah membandingkan diagnosis dari pakar dengan metode *fuzzy* Tsukamoto akan ditunjukkan pada Tabel 4.6, selanjutnya keseluruhan hasil perbandingan dapat dilihat pada Lampiran B.

**Tabel 4. 6 Potongan Perbandingan Hasil Pakar dengan Hasil Fuzzy Tsukamoto**

No	Gejala	Hasil Pakar	Hasil Fuzzy Tsukamoto	Akurasi
1	• Seks bebas	Stadium 1	Stadium 3	0
2	• <i>Pneumonia</i> (mengancam jiwa) • Seks bebas • Demam > 30 hari	Stadium 4	Stadium 3	0



	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>			
3	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Narkoba suntik</li> <li>• Demam &gt; 3 bulan</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 4	Stadium 3	0
4	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Penurunan kesadaran</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> </ul>	Stadium 3	Stadium 3	1
5	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (tidak mengancam)</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 3	Stadium 3	1
6	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (tidak mengancam)</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Diare <i>kriptokokosis</i></li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 3	Stadium 3	1
7	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (mengancam jiwa)</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Diare &gt; 30 hari</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 4	Stadium 3	0
8	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Tatto</li> <li>• Penurunan kesadaran</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Diare <i>kriptokokosis</i></li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> <li>• <i>Harpes simpleks</i></li> </ul>	Stadium 4	Stadium 3	0
9	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (tidak mengancam)</li> <li>• Narkoba suntik</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 3	Stadium 3	1
10	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (mengancam jiwa)</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 4	Stadium 3	0

	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> <li>• <i>Harpes simpleks</i></li> </ul>			
--	--	--	--	--

Berdasarkan Tabel 4.6 akan diperoleh hasil akurasi dengan menggunakan persamaan berikut:

$$Akurasi = \frac{\text{jumlah data yang presisi}}{\text{jumlah keseluruhan data}} \times 100\% \quad (4.35)$$

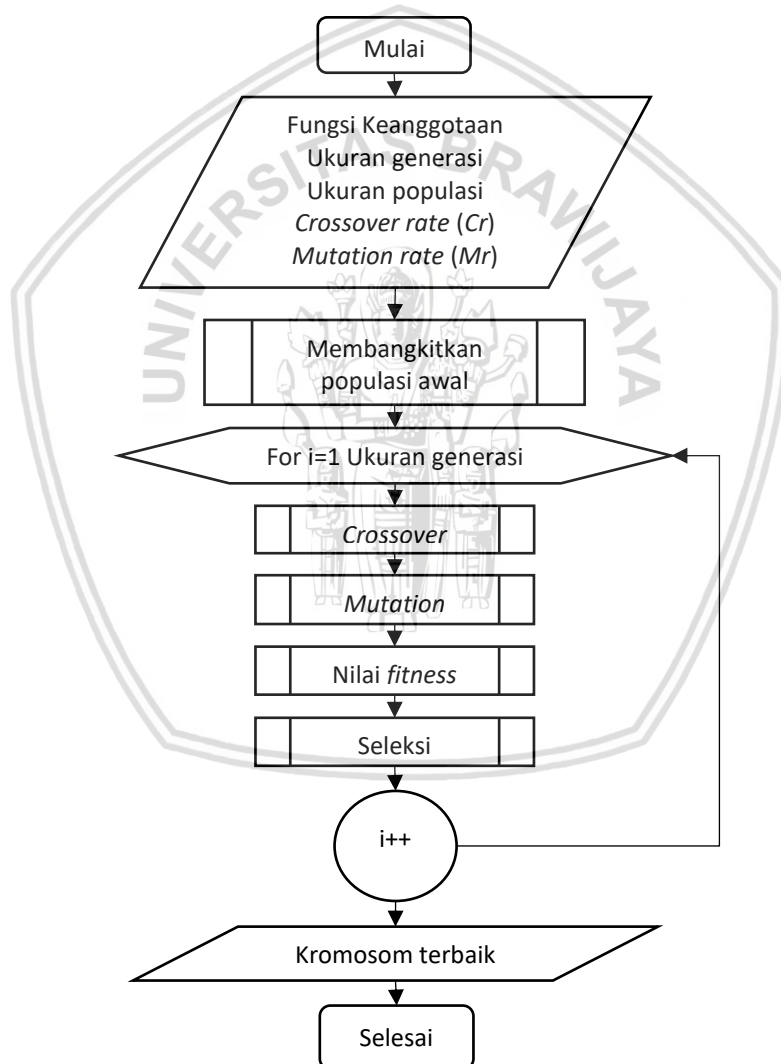
Sehingga nilai akurasi yang didapatkan menggunakan metode fuzzy Tsukamoto yaitu:

$$\begin{aligned} Akurasi &= \frac{6}{24} \times 100\% \\ &= 25\% \end{aligned}$$



### 4.3 Siklus Algoritme Genetika

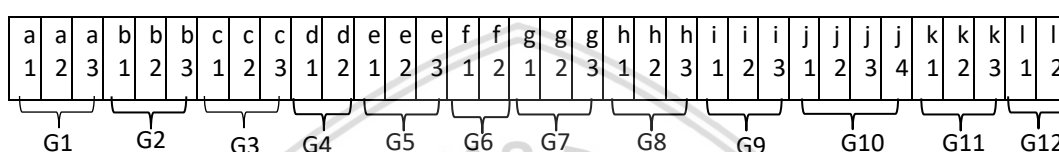
Siklus pada kasus optimasi diagnosis penyakit *HIV* dengan menggunakan metode *fuzzy* Tsukamoto dan algoritme genetika. Dalam algoritme genetika untuk menghasilkan suatu solusi optimal, proses pencarian dilakukan di antara sejumlah alternatif titik optimal berdasarkan fungsi probabilitas (Michalewicz, Zbigniew. 1996). Langkah yang dilakukan untuk optimasi menggunakan algoritme genetika yaitu dengan memasukkan nilai dari populasi, generasi, nilai dari *crossover rate* dan *mutation rate*, selanjutnya nilai dari populasi berguna untuk melakukan inisialisasi populasi awal, nilai dari *crossover rate* dan *mutation rate* digunakan untuk melakukan proses *crossover* dan mutasi. Kemudian menghitung nilai *fitness* dan melakukan seleksi terhadap individu yang memiliki nilai *fitness* terbaik, proses algoritme genetika dapat dilihat pada Gambar 4.14.



Gambar 4. 14 Diagram Alir Siklus Algoritme Genetika

### 4.3.1 Representasi Kromosom

Pada permasalahan diagnosis penyakit *HIV* ini akan diselesaikan dengan menggunakan metode *fuzzy* Tsukamoto dengan membentuk himpunan fuzzy terlebih dahulu berdasarkan batasan-batasan yang didapatkan dari seorang pakar. Diagnosis penyakit *HIV* menggunakan metode *fuzzy* Tsukamoto dan algoritme genetika, representasi kromosom yang digunakan adalah dengan pengkodean *real* (*real-code*). Hal ini dikarenakan bilangan yang digunakan sebagai batas fungsi keanggotaan terdiri dari bilangan bulat dan pecahan. Kromosom akan dibentuk secara acak dan bilangan acak tersebut memiliki rentang nilai dari 0 sampai 120. Panjang gen untuk setiap kromosom yaitu 34 gen dimana setiap parameter memiliki panjang gen yang berbeda-beda sehingga diperlukan adanya representasi. Representasi kromosom dapat dilihat pada Gambar 4. 15.

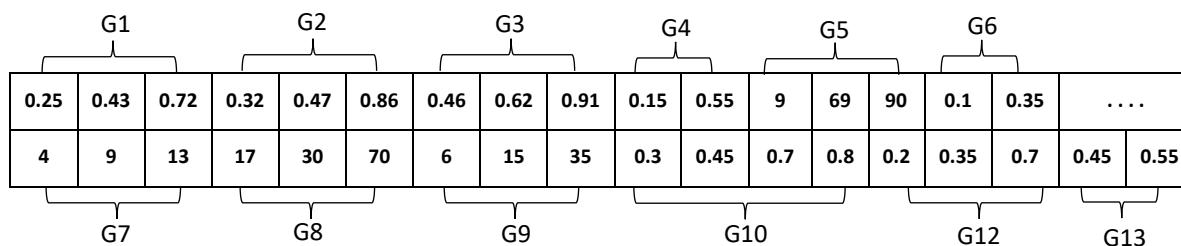


Gambar 4. 15 Representasi Kromosom

Keterangan parameter pada representasi kromosom:

- G1 : *Sarkoma Kaposi*
- G2 : *Pneumonia*
- G3 : Riwayat keluarga
- G4 : Pola hidup
- G5 : Demam
- G6 : Penurunan kesadaran
- G7 : Berat badan
- G8 : Diare
- G9 : Batuk
- G10 : Kelainan kulit
- G11 : *Limfadenopati generalisata*
- G12 : Pekerjaan

Setelah ditentukan nilai representasi kromosom secara acak, maka kromosom tersebut disusun mulai dari bilangan kecil ke besar yang dimulai dari kiri ke kanan untuk tiap parameternya. Berikut ini merupakan contoh dari individu 1 yang (P1) ditunjukkan pada Gambar 4.16.



Gambar 4. 16 Kromosom P1

Kromosom yang terdapat pada Gambar 4.16 merupakan representasi parameter setiap gejala yang masing-masing memiliki tingkat kriteria. Pada kromosom tersebut terdapat parameter rendah, sedang dan tinggi untuk gejala G1, G2, G3, G5, G6, G7, G8, G9, selanjutnya parameter normal, rendah, sedang dan tinggi untuk gejala G10 dan parameter ya dan tidak untuk gejala G3, G4.

Proses selanjutnya adalah perhitungan nilai *fitness*, yaitu nilai yang didapatkan berdasarkan jumlah nilai akurasi perbandingan antara hasil diagnosa yang didapatkan dari pakar dengan sistem menggunakan metode *fuzzy* Tsukamoto yang telah teroptimasi dibagi jumlah seluruh data uji. Langkah yang dilakukan adalah dengan menggunakan batasan nilai keanggotaan *fuzzy* seperti yang telah direpresentasikan pada Gambar 4.15. Selanjutnya melakukan proses *fuzzifikasi* dengan mencari aturan yang sesuai dengan data yang diujikan. Melakukan proses *defuzzifikasi* dengan pencarian nilai inferensi (Z) terbesar. Proses tersebut dilakukan untuk seluruh data uji, sehingga akan didapatkan nilai *fitness* terhadap kromosom P1. Berikut merupakan potongan hasil perbandingan tersebut ditunjukkan pada Tabel 4.7.

**Tabel 4. 7 Potongan Perbandingan Akurasi untuk Kromosom P1**

No	Gejala	Hasil Pakar	Hasil <i>Fuzzy</i> Tsukamoto teroptimasi	Akurasi
1	• Seks bebas	Stadium 1	Stadium 1	1
2	• <i>Pneumonia</i> (mengancam jiwa) • Seks bebas • Demam > 30 hari • Berat badan > 10% • Batuk > 30 hari	Stadium 4	Stadium 1	0
3	• Narkoba suntik • Demam > 3 bulan • Berat badan > 10% • Batuk > 30 hari	Stadium 4	Stadium 1	0
4	• Demam > 30 hari • Penurunan kesadaran • Berat badan > 10%	Stadium 3	Stadium 3	1
5	• <i>Pneumonia</i> (tidak mengancam) • Demam > 30 hari • Berat badan > 10% • Batuk > 30 hari	Stadium 3	Stadium 2	0
6	• <i>Pneumonia</i> (tidak mengancam) • Demam > 30 hari • Berat badan > 10%	Stadium 3	Stadium 2	0

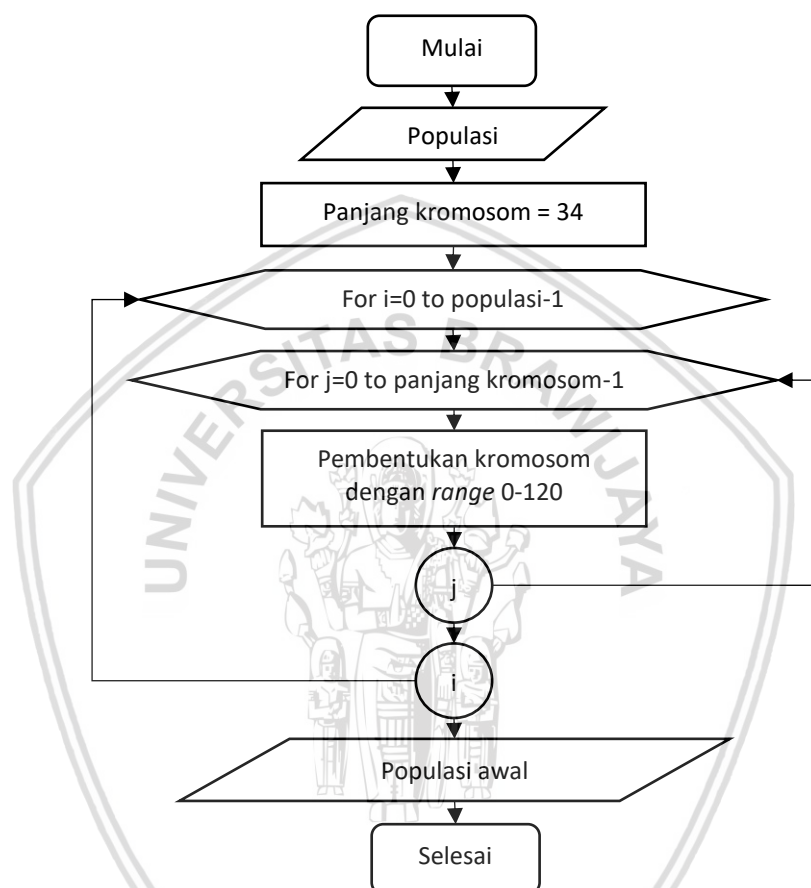
	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Diare <i>kriptokokosis</i></li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>			
7	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (mengancam jiwa)</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Diare &gt; 30 hari</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 4	Stadium 2	0
8	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Tatro</li> <li>• Penurunan kesadaran</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Diare <i>kriptokokosis</i></li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> <li>• <i>Harpes simpleks</i></li> </ul>	Stadium 4	Stadium 3	0
9	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (tidak mengancam)</li> <li>• Narkoba suntik</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 3	Stadium 1	0
10	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (mengancam jiwa)</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> <li>• <i>Harpes simpleks</i></li> </ul>	Stadium 4	Stadium 2	0

Hasil lengkap perbandingan akurasi antara sistem menggunakan metode *fuzzy* Tsukamoto yang telah teroptimasi dengan hasil diagnosa yang didapatkan dari pakar ditunjukkan pada lampiran. Nilai *fitness* dihitung menggunakan persamaan 4.35 yaitu  $\frac{11}{24} = 0.45$ . Sehingga nilai *fitness* yang diperoleh adalah 45%.



### 4.3.2 Inisialisasi Populasi Awal

Membentuk sebuah himpunan penyelesaian terdiri dari beberapa individu di dalam populasi yang dibangkitkan secara *random* yang direpresentasikan ke dalam kromosom (Agarwal and Vasan, 2016). Tujuan dilakukan inisialisai adalah untuk dapat merepresentasikan setiap masalah yang telah tentukan pada setiap gen. Secara umum inisialisasi awal untuk suatu kromosom ditunjukan pada Gambar 4.17.



**Gambar 4. 17 Diagram Alir Inisialisasi Populasi Awal**

Proses inisialisasi kromosom pada populasi awal akan dijelaskan dalam langkah-langkah sebagai berikut:

1. Proses dimulai dengan melakukan inisialisasi terhadap variable populasi
2. Melakukan inisialisasi panjang gen kromosom yaitu 34
3. Melakukan perulangan untuk pembentukan kromosom sampai memenuhi kondisi variable populasi yang telah ditentukan
4. Melakukan pembentukan kromosom secara acak dengan panjang gen sesuai yang telah ditentukan dengan nilai antara 0 sampai 120
5. Proses perulangan akan berhenti sampai memenuhi kondisi sesuai dengan nilai variable populasi yang diinisialisasikan
6. Populasi awal dengan individu telah terbentuk

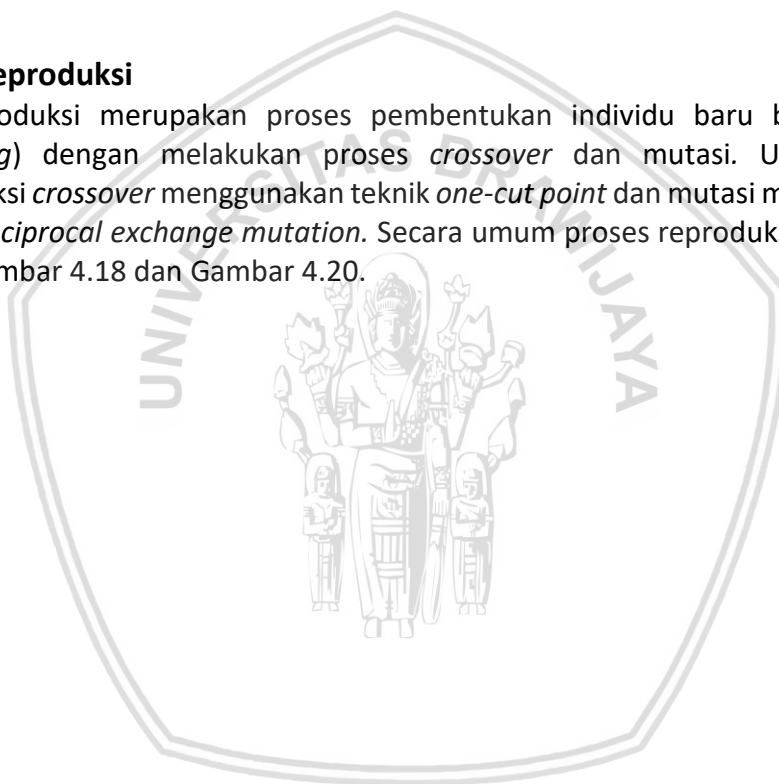
Pembentukan inisialisasi kromosom pada populasi awal dilakukan secara acak sesuai dengan *range* untuk setiap parameter. Nilai yang dibentuk secara berurutan dimulai dari yang terkecil pada sisi kiri hingga terbesar pada sisi kanan dari setiap parameter. Pada contoh berikut akan dilakukan inisialisasi *popSize* sebesar 3. Contoh inisialisai kromosom pada populasi awal dapat dilihat pada Tabel 4.8.

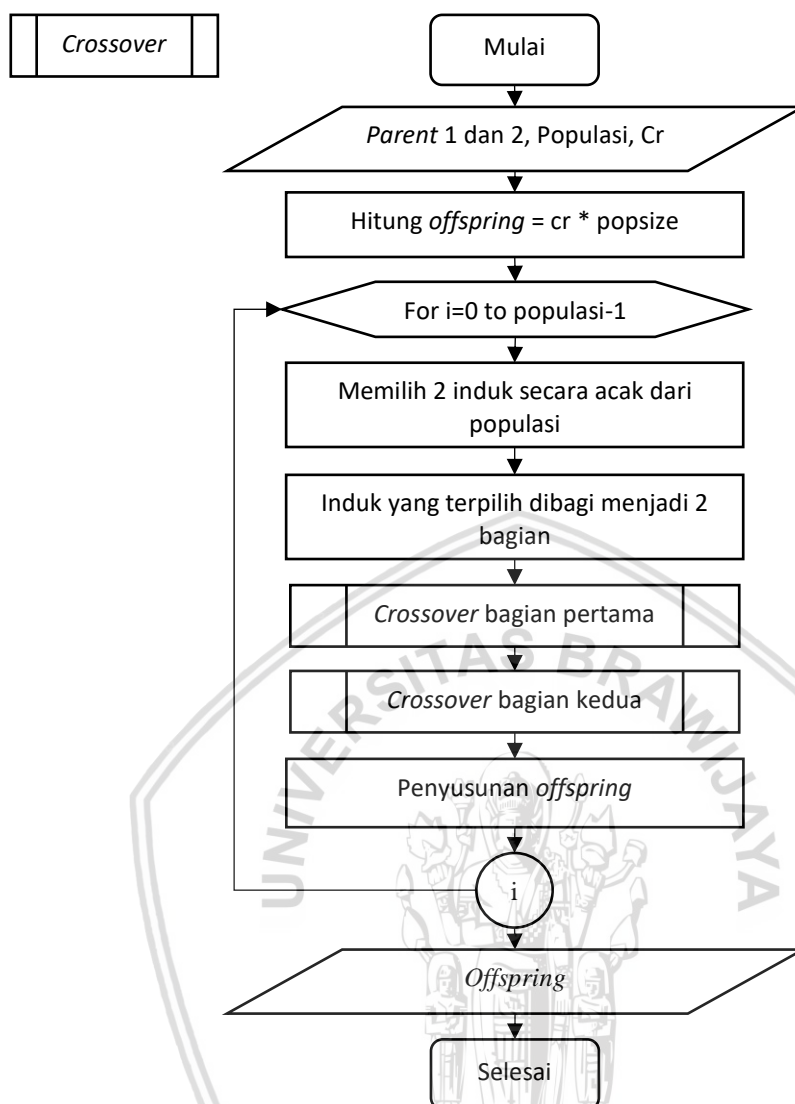
**Tabel 4. 8 Inisialisasi Kromosom Pada Populasi Awal**

Parent	Kromosom	Fitness
P1	[0.25,0.43,0.72,0.32,0.47,0.86,0.46,0.62,0.91,0.15,0.55,9,69,90,0.1,0.35,4,9,13,17,30,70,6,15,35,0.3,0.45,0.7,0.8,0.2,0.35,0.7,0.45,0.55]	0.45
P2	[0.45,0.73,0.9,0.18,0.35,1,0.28,0.45,0.85,0.5,0.8,25,55,70,0.25,0.75,6.5,7,12,10,27,35,17,28,45,0.1,0.65,0.75,0.9,0.3,0.65,0.75,0.3,0.7]	0.37
P3	[0.3,0.5,1,0.28,0.65,0.7,0.3,0.55,0.67,0.35,0.67,30,79,83,0.37,0.6,5.5,6.5,11,20,30,85,30,40,90,0.25,0.55,0.65,0.7,0.4,0.55,0.85,0.5,0.6]	0.41

#### 4.3.3 Reproduksi

Reproduksi merupakan proses pembentukan individu baru berupa *child* (*offspring*) dengan melakukan proses *crossover* dan mutasi. Untuk proses reproduksi *crossover* menggunakan teknik *one-cut point* dan mutasi menggunakan teknik *reciprocal exchange mutation*. Secara umum proses reproduksi ditunjukkan pada Gambar 4.18 dan Gambar 4.20.



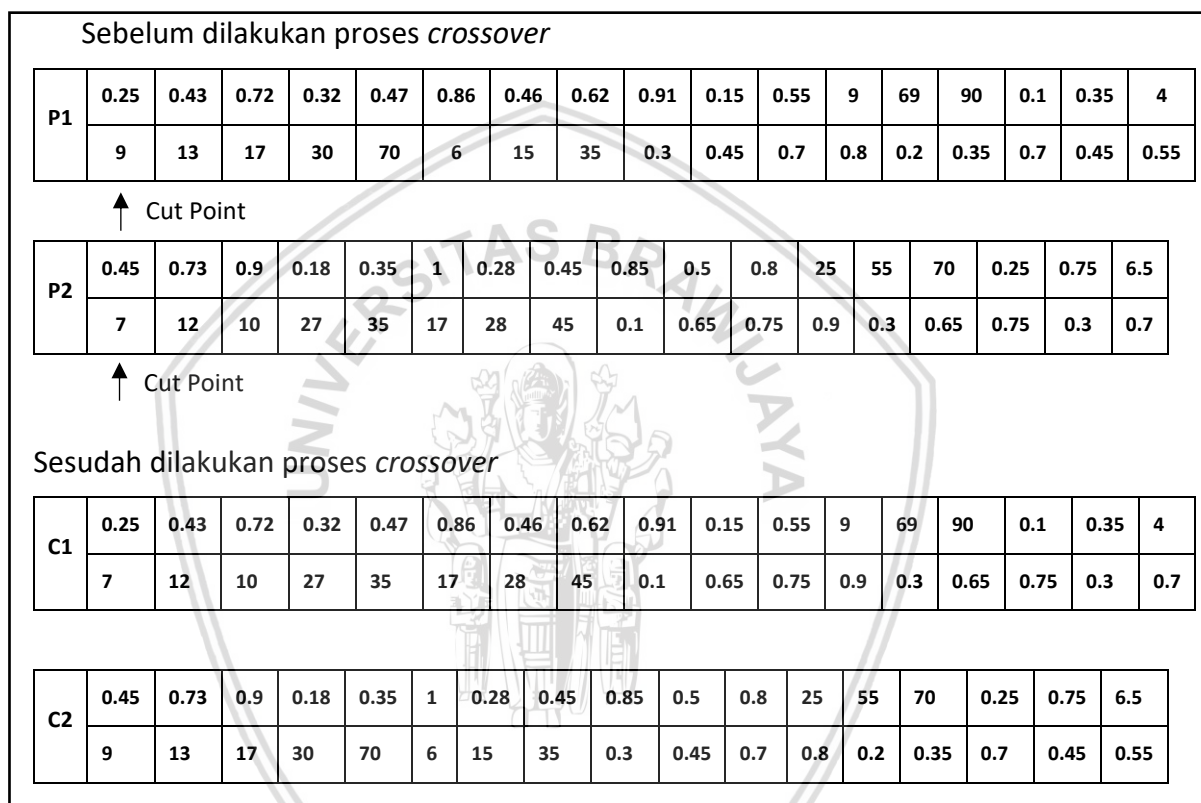


**Gambar 4. 18 Diagram Alir Crossover (One-Cut Point)**

Proses reproduksi dengan menggunakan *crossover* (*one-cut point*) akan dijelaskan dalam langkah-langkah sebagai berikut:

1. Proses dimulai dengan melakukan inisialisasi variabel kromosom individu pertama dan kedua, populasi dan nilai *crossover rate*
2. Mencari jumlah *offspring* yang akan dibentuk dengan menghitung menggunakan rumus *crossover rate* dikali nilai populasi
3. Melakukan perulangan untuk pembentukan *offspring* melalui proses *crossover* sampai memenuhi kondisi variable populasi yang telah ditentukan
4. Memilih dua individu secara acak untuk dilakukan proses *crossover*
5. Menentukan titik potong untuk setiap individu yang terpilih
6. Melakukan penukaran gen yang terpilih dari individu pertama ke individu kedua dan sebaliknya
7. Setelah proses perulangan telah terpenuhi maka dilakukan penyusunan *offspring* yang telah terbentuk

Proses *crossover* dengan menggunakan teknik *one-cut point* memerlukan dua individu yang dipilih secara acak. Teknik ini memerlukan satu posisi gen acak yang digunakan sebagai titik potong untuk dilakukan pemotongan kromosom. Selanjutnya kromosom yang berada setelah titik potong akan ditukar dengan individu lainnya dan sebaliknya. Untuk memperoleh solusi terbaik maka diperlukan nilai *crossover rate*, sebagai contoh pada penelitian ini menginisialisasi *crossover rate* dengan nilai 0.6 sehingga akan menghasilkan sejumlah 2 *offspring*. Hasil tersebut didapatkan dengan mengalikan nilai *crossover rate* dengan jumlah populasi awal. Proses reproduksi dengan cara *crossover* pada sebuah kromosom akan ditunjukkan pada Gambar 4.19.

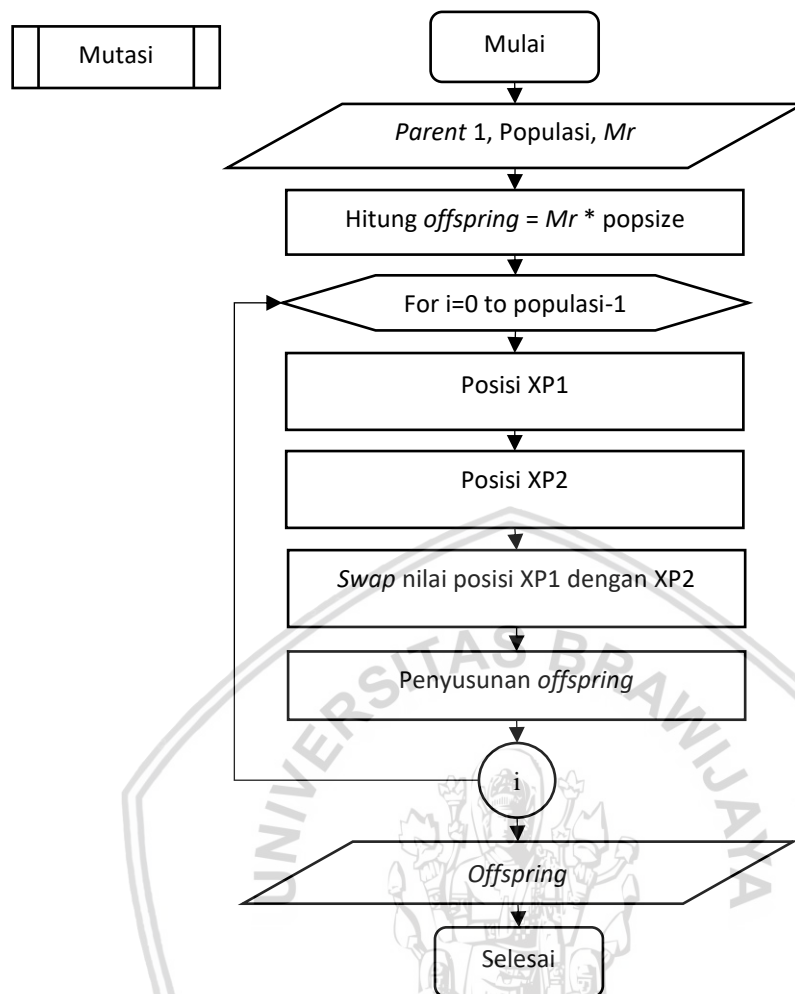


**Gambar 4. 19 Proses Crossover (One-Cut Point)**

Individu baru yang dihasilkan melalui proses *crossover* ditunjukkan pada Tabel 4.9.

**Tabel 4. 9 Offspring Hasil Crossover**

Offspring	Kromosom
C1	[0.25,0.43,0.72,0.32,0.47,0.86,0.46,0.62,0.91,0.15,0.55,9,69,90,0.1,0.35,4,7,12,10,27,35,17,28,45,0.1,0.65,0.75,0.9,0.3,0.65,0.75,0.3,0.7]
C2	[0.45,0.73,0.9,0.18,0.35,1,0.28,0.45,0.85,0.5,0.8,25,55,70,0.25,0.75,6.5,9,13,17,30,70,6,15,35,0.3,0.45,0.7,0.8,0.2,0.35,0.7,0.45,0.55]



**Gambar 4. 20 Diagram Alir Mutation (Reciprocal Exchange)**

Proses reproduksi dengan menggunakan *mutation (reciprocal exchange)* akan dijelaskan dalam langkah-langkah sebagai berikut:

1. Proses dimulai dengan melakukan inisialisasi variable kromosom individu, populasi dan nilai *mutation rate*
2. Mencari jumlah *offspring* yang akan dibentuk dengan menghitung menggunakan rumus *mutation rate* dikali nilai populasi
3. Melakukan perulangan untuk pembentukan *offspring* melalui proses *mutation* sampai memenuhi kondisi variable populasi yang telah ditentukan
4. Menentukan satu individu untuk dilakukan proses *mutation (reciprocal exchange)*
5. Menentukan dua buah titik sebagai posisi gen (*exchange point*)
6. Melakukan pertukaran nilai gen di dua titik yang telah ditentukan
7. Setelah proses perulangan telah terpenuhi maka dilakukan penyusunan *offspring* yang telah terbentuk

Proses *mutation* dengan menggunakan teknik *reciprocal exchange mutation* memerlukan dua posisi gen (*exchange point*) pada sebuah kromosom yang dipilih secara acak, selanjutnya kedua nilai gen dari posisi yang telah dipilih akan ditukarkan. Untuk memperoleh solusi terbaik maka diperlukan nilai *mutation rate*, sebagai contoh pada penelitian ini menginisialisasi *mutation rate* dengan nilai 0.2 sehingga akan menghasilkan sejumlah 1 *offspring*. Hasil tersebut didapatkan dengan mengalikan nilai *mutation rate* dengan jumlah populasi awal. Proses reproduksi dengan cara *mutation* pada sebuah kromosom akan ditunjukkan pada Gambar 4.21.

Sebelum dilakukan proses *mutation*

XP 1

P3	0.3	0.5	1	0.28	0.65	0.7	0.3	0.55	0.67	0.35	0.67	30	79	83	0.37	0.6	5.5
	6.5	11	20	30	85	30	40	90	0.25	0.55	0.65	0.7	0.4	0.55	0.85	0.5	0.6

XP 2

Setelah dilakukan proses *mutation*

C3	0.3	0.5	1	0.28	0.65	0.7	0.3	0.55	0.67	0.35	0.67	30	40	83	0.37	0.6	5.5
	6.5	11	20	30	85	30	79	90	0.25	0.55	0.65	0.7	0.4	0.55	0.85	0.5	0.6

Gambar 4. 21 Proses *Mutation (Reciprocal Exchange)*

Individu baru yang dihasilkan melalui proses *crossover* ditunjukkan pada Tabel 4.10.

Tabel 4. 10 *Offspring Hasil Mutation*

Offspring	Kromosom
C3	[0.3,0.5,1,0.28,0.65,0.7,0.3,0.55,0.67,0.35,0.67,30,40,83,0.37,0.6,5.5,6.5,11,20,30,85,30,79,90,0.25,0.55,0.65,0.7,0.4,0.55,0.85,0.5,0.6]

Setelah dilakukan proses reproduksi melalui tahap *crossover* dan *mutation* yang telah ditunjukkan pada Tabel masing-masing yaitu Tabel 4.9 dan Tabel 4.10, selanjutnya akan dilakukan proses pencarian nilai *fitness* untuk masing-masing individu tersebut. Pada Tabel 4.11 ditunjukkan hasil individu gabungan berdasarkan proses reproduksi.

Tabel 4. 11 Hasil Individu Gabungan

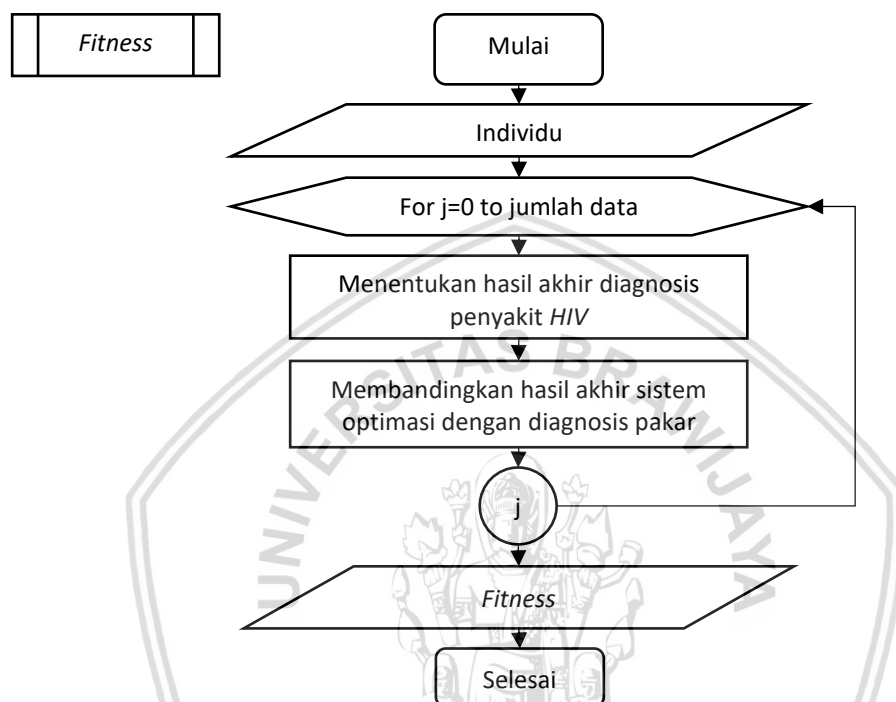
Offspring	Kromosom	Fitness
P1	[0.25,0.43,0.72,0.32,0.47,0.86,0.46,0.62,0.91,0.15,0.55,9,69,90,0.1,0.35,4,9,13,17,30,70,6,15,35,0.3,0.45,0.7,0.8,0.2,0.35,0.7,0.45,0.55]	0.45
P2	[0.45,0.73,0.9,0.18,0.35,1,0.28,0.45,0.85,0.5,0.8,25,55,70,0.25,0.75,6.5,7,12,10,27,35,17,28,45,0.1,0.65,0.75,0.9,0.3,0.65,0.75,0.3,0.7]	0.37
P3	[0.3,0.5,1,0.28,0.65,0.7,0.3,0.55,0.67,0.35,0.67,30,79,83,0.37,0.6,5.5,6.5,11,20,30,85,30,40,90,0.25,0.55,0.65,0.7,0.4,0.55,0.85,0.5,0.6]	0.41
C1	[0.25,0.43,0.72,0.32,0.47,0.86,0.46,0.62,0.91,0.15,0.55,9,69,90,0.1,0.35,4,7,12,10,27,35,17,28,45,0.1,0.65,0.75,0.9,0.3,0.65,0.75,0.3,0.7]	0.37
C2	[0.45,0.73,0.9,0.18,0.35,1,0.28,0.45,0.85,0.5,0.8,25,55,70,0.25,0.75,6.5,9,13,17,30,70,6,15,35,0.3,0.45,0.7,0.8,0.2,0.35,0.7,0.45,0.55]	0.37



C3	[0.3,0.5,1,0.28,0.65,0.7,0.3,0.55,0.67,0.35,0.67,30,40,83,0.37,0.6,5.5,6.5,11,20,30,85,30,79,90,0.25,0.55,0.65,0.7,0.4,0.55,0.85,0.5,0.6]	0.41
----	---	------

#### 4.3.4 Nilai *Fitness*

Pada proses dilakukan perhitungan nilai *fitness* sebagai indikasi kebugaran dari setiap individu yang ada. Proses perhitungan *fitness* dapat dilihat pada Gambar 4.23.



**Gambar 4. 22 Diagram Alir Proses Perhitungan *Fitness***

Proses evaluasi akan dijelaskan dalam langkah-langkah sebagai berikut:

1. Proses dimulai dengan melakukan inisialisasi individu
2. Melakukan perulangan sampai kondisi jumlah seluruh individu terpenuhi
3. Menentukan hasil diagnosis berdasarkan individu
4. Melakukan perbandingan hasil diagnosis yang dilakukan sistem dengan hasil diagnosis oleh pakar
5. Menghitung hasil perbandingan untuk memperoleh nilai kebugaran (*fitness*)
6. Hasil nilai *fitness* dari masing-masing individu sejumlah data (data = 70)

Evaluasi merupakan proses yang digunakan untuk menghitung kebugaran (*fitness*) dari setiap kromosom. Semakin besar *fitness* maka semakin baik chromosome tersebut untuk dijadikan calon solusi (Mahmudy, 2013). Proses perhitungan nilai *fitness* sesuai dengan proses yang telah dijelaskan pada sub bab 4.3.1. Nilai *fitness* untuk individu gabungan ditunjukkan pada Tabel 4.12.

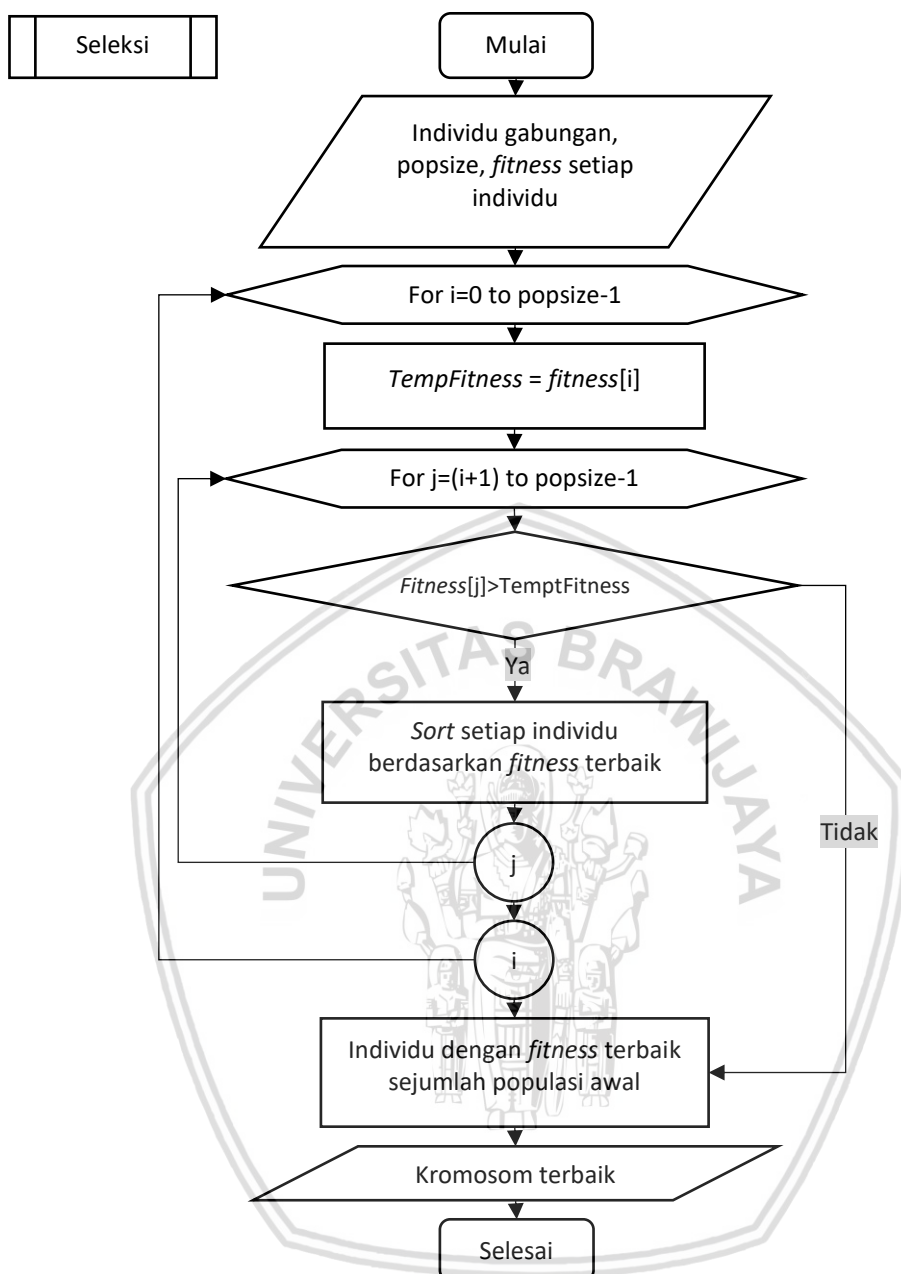
Tabel 4. 12 Nilai *Fitness* Individu Gabungan

Offspring	Kromosom	Fitness
P1	[0.25,0.43,0.72,0.32,0.47,0.86,0.46,0.62,0.91,0.15,0.55,9,69,90,0.1,0.35,4,9,13,17,30,70,6,15,35,0.3,0.45,0.7,0.8,0.2,0.35,0.7,0.45,0.55]	0.45
P2	[0.45,0.73,0.9,0.18,0.35,1,0.28,0.45,0.85,0.5,0.8,25,55,70,0.25,0.75,6.5,7,12,10,27,35,17,28,45,0.1,0.65,0.75,0.9,0.3,0.65,0.75,0.3,0.7]	0.37
P3	[0.3,0.5,1,0.28,0.65,0.7,0.3,0.55,0.67,0.35,0.67,30,79,83,0.37,0.6,5.5,6.5,11,20,30,85,30,40,90,0.25,0.55,0.65,0.7,0.4,0.55,0.85,0.5,0.6]	0.41
C1	[0.25,0.43,0.72,0.32,0.47,0.86,0.46,0.62,0.91,0.15,0.55,9,69,90,0.1,0.35,4,7,12,10,27,35,17,28,45,0.1,0.65,0.75,0.9,0.3,0.65,0.75,0.3,0.7]	0.37
C2	[0.45,0.73,0.9,0.18,0.35,1,0.28,0.45,0.85,0.5,0.8,25,55,70,0.25,0.75,6.5,9,13,17,30,70,6,15,35,0.3,0.45,0.7,0.8,0.2,0.35,0.7,0.45,0.55]	0.37
C3	[0.3,0.5,1,0.28,0.65,0.7,0.3,0.55,0.67,0.35,0.67,30,40,83,0.37,0.6,5.5,6.5,11,20,30,85,30,79,90,0.25,0.55,0.65,0.7,0.4,0.55,0.85,0.5,0.6]	0.41

Berdasarkan Tabel 4.12 maka didapatkan nilai *fitness* untuk individu gabungan antara *parent* dan *offspring*. Nilai *fitness* yang diperoleh secara berturut-turut yaitu 0.45, 0.37, 0.41, 0.37, 0.37, 0.41.

#### 4.3.5 Seleksi

Dalam membentuk generasi baru, diperlukan adanya kromosom baru dari pemilihan populasi induk yang ditentukan berdasarkan nilai *fitness* (Zhang et al., 2016). Proses seleksi akan memilih individu terbaik dengan nilai *fitness* tertinggi dan akan dijadikan sebagai *parent* pada generasi berikutnya, pada proses ini menggunakan metode *elitisim selection*. Proses seleksi dapat dilihat pada Gambar 4.22.



**Gambar 4. 23 Diagram Alir Proses Seleksi**

Proses seleksi akan dijelaskan dalam langkah-langkah sebagai berikut:

1. Proses dimulai dengan melakukan inisialisasi individu gabungan, popsize, nilai *fitness* setiap individu
2. Melakukan perulangan untuk menghitung nilai *fitness* setiap individu gabungan
3. Menyimpan sementara nilai kromosom dengan *fitness* terbaik sementara
4. Melakukan perulangan untuk mencari nilai *fitness* terbaik dari yang telah disimpan pada nilai *fitness* terbaik sementara
5. Mengurutkan dan mengambil individu dengan nilai *fitness* terbaik dari terbesar ke terkecil sejumlah nilai *popsize* yang telah diinisialisasikan
6. Hasil yaitu seleksi kromosom terbaik sebanyak nilai populasi

Dari proses yang dilakukan sebelumnya telah didapatkan hasil *offspring* beserta nilai *fitness* untuk masing-masing individu. Selanjutnya individu tersebut akan digabung untuk dilakukan proses pengurutan berdasarkan nilai *fitness* tertinggi. Berikut merupakan hasil individu gabungan yang akan ditunjukkan pada Tabel 4.13.

**Tabel 4. 13 Hasil Individu Gabungan Berdasarkan Nilai *Fitness* Terbaik**

Offspring	Kromosom	Fitness
P1	[0.25,0.43,0.72,0.32,0.47,0.86,0.46,0.62,0.91,0.15,0.55,9,69,90,0.1,0.35,4,9,13,17,30,70,6,15,35,0.3,0.45,0.7,0.8,0.2,0.35,0.7,0.45,0.55]	0.45
P3	[0.3,0.5,1,0.28,0.65,0.7,0.3,0.55,0.67,0.35,0.67,30,79,83,0.37,0.6,5.5,6.5,11,20,30,85,30,40,90,0.25,0.55,0.65,0.7,0.4,0.55,0.85,0.5,0.6]	0.41
C1	[0.25,0.43,0.72,0.32,0.47,0.86,0.46,0.62,0.91,0.15,0.55,9,69,90,0.1,0.35,4,7,12,10,27,35,17,28,45,0.1,0.65,0.75,0.9,0.3,0.65,0.75,0.3,0.7]	0.41
C3	[0.3,0.5,1,0.28,0.65,0.7,0.3,0.55,0.67,0.35,0.67,30,40,83,0.37,0.6,5.5,6.5,11,20,30,85,30,79,90,0.25,0.55,0.65,0.7,0.4,0.55,0.85,0.5,0.6]	0.37
P2	[0.45,0.73,0.9,0.18,0.35,1,0.28,0.45,0.85,0.5,0.8,25,55,70,0.25,0.75,6.5,7,12,10,27,35,17,28,45,0.1,0.65,0.75,0.9,0.3,0.65,0.75,0.3,0.7]	0.37
C2	[0.45,0.73,0.9,0.18,0.35,1,0.28,0.45,0.85,0.5,0.8,25,55,70,0.25,0.75,6.5,9,13,17,30,70,6,15,35,0.3,0.45,0.7,0.8,0.2,0.35,0.7,0.45,0.55]	0.37

Setelah diperoleh urutan individu terbaik maka akan dipilih sejumlah nilai populasi yang telah ditentukan untuk digunakan pada generasi berikutnya. Berikut merupakan hasil seleksi yang akan ditunjukkan pada Tabel 4.14.

**Tabel 4. 14 Hasil Seleksi Berdasarkan Nilai *Fitness* Terbaik**

Offspring	Kromosom	Fitness
P1	[0.25,0.43,0.72,0.32,0.47,0.86,0.46,0.62,0.91,0.15,0.55,9,69,90,0.1,0.35,4,9,13,17,30,70,6,15,35,0.3,0.45,0.7,0.8,0.2,0.35,0.7,0.45,0.55]	0.45
P3	[0.3,0.5,1,0.28,0.65,0.7,0.3,0.55,0.67,0.35,0.67,30,79,83,0.37,0.6,5.5,6.5,11,20,30,85,30,40,90,0.25,0.55,0.65,0.7,0.4,0.55,0.85,0.5,0.6]	0.41
C1	[0.25,0.43,0.72,0.32,0.47,0.86,0.46,0.62,0.91,0.15,0.55,9,69,90,0.1,0.35,4,7,12,10,27,35,17,28,45,0.1,0.65,0.75,0.9,0.3,0.65,0.75,0.3,0.7]	0.41

## 4.4 Perancangan Tampilan Sistem

Pada perancangan tampilan sistem akan ditampilkan rancangan terhadap halaman antarmuka yang menjadi sarana komunikasi diantara pengguna dengan sistem. Terdapat 4 halaman utama yang menjadi antarmuka sistem yaitu halaman utama, halaman data uji, halaman aturan pakar dan halaman hasil. Berikut ini merupakan rancangan terhadap tampilan sistem tersebut.

### 4.4.1 Tampilan Halaman Utama

Tampilan halaman utama ini akan menampilkan kolom-kolom masukan nilai yang diinputkan berdasarkan pengguna diantaranya nilai jumlah generasi, nilai jumlah populasi, *crossover rate* dan *mutation rate*. Rancangan tampilan halaman utama terdapat pada Gambar 4.24.

**Gambar 4. 24 Rancangan Halaman Utama**

1. Judul pada sistem
2. Menu pada sistem
3. Kolom input nilai setiap parameter
4. Tombol untuk melakukan proses optimasi
5. Kolom hasil kromosom terbaik

Tampilan halaman data uji ini akan menampilkan seluruh data yang akan digunakan sebagai pengujian pada sistem untuk memperoleh batasan fungsi keanggotaan yang optimal. Rancangan tampilan halaman data uji terdapat pada Gambar 4.25.

**Gambar 4. 25 Rancangan Halaman Data Uji**

Berikut ini merupakan keterangan berdasarkan Gambar 4.25:

1. Judul pada sistem
2. Menu pada sistem
3. Tabel yang akan menampilkan data uji pada sistem

#### 4.4.3 Tampilan Halaman Aturan Pakar

Tampilan halaman aturan *fuzzy* ini akan menampilkan seluruh aturan yang digunakan pada sistem. Rancangan tampilan halaman aturan pakar terdapat pada Gambar 4.26.

JUDUL PROGRAM <b>1</b>							
Tab 1	Tab 2	Tab 3	Tab 4 <b>2</b>				
Aturan Fuzzy							
<table border="1"> <tr> <td colspan="4"><b>3</b></td> </tr> </table>				<b>3</b>			
<b>3</b>							

**Gambar 4. 26 Rancangan Halaman Aturan Pakar**

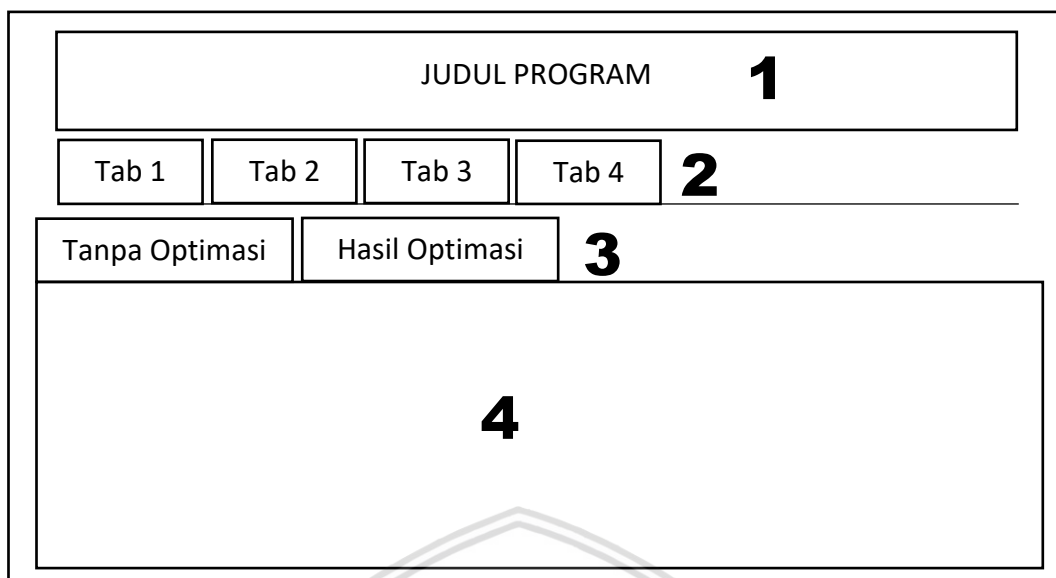
Berikut ini merupakan keterangan berdasarkan Gambar 4.26:

1. Judul pada sistem
2. Menu pada sistem
3. Tabel yang akan menampilkan aturan pakar penyakit *HIV*

#### 4.4.4 Tampilan Halaman Hasil Diagnosis

Tampilan halaman hasil ini akan menampilkan hasil yang diperoleh yaitu sebuah diagnosis penyakit *HIV*. Rancangan tampilan halaman hasil terdapat pada Gambar 4.27.





**Gambar 4. 27 Rancangan Halaman Hasil**

Berikut ini merupakan keterangan berdasarkan Gambar 4.27:

1. Judul pada sistem
2. Menu pada sistem
3. Menu untuk memilih hasil diagnosis penyakit
4. Tabel yang akan menampilkan hasil diagnosis penyakit *HIV* menggunakan metode *fuzzy* Tsukamoto dan metode *fuzzy* Tsukamoto teroptimasi

## 4.5 Perancangan Pengujian

Pada perancangan pengujian ditunjukkan rancangan pengujian algoritme melalui beberapa skenario. Pengujian yang dilakukan antara lain jumlah populasi, jumlah generasi, nilai crossover rate dan mutation rate dan parameter terbaik.

### 4.5.1 Pengujian Jumlah Populasi

Pada penelitian ini nilai yang optimal dari populasi akan didapatkan melalui suatu proses pengujian. Pengujian akan dilakukan masing-masing 10 kali untuk tiap ukuran populasi yang berbeda dengan kenaikan nilai kelipatan 10 untuk setiap percobaan, sehingga total pengujian sejumlah 100 kali. Parameter yang digunakan selain ukuran populasi adalah nilai *Cr*, *Mr* dan ukuran generasi. Perancangan pengujian ukuran populasi akan ditunjukkan pada Tabel 4.15.

**Tabel 4. 15 Perancangan Pengujian Ukuran Populasi**

Populasi	Nilai <i>Fitness</i>										Rata-rata
	Percobaan ke-										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
10											
20											

30											
40											
50											
60											
70											
80											
90											
100											

#### 4.5.2 Pengujian Jumlah Generasi

Pada penelitian ini nilai yang optimal dari generasi akan didapatkan melalui suatu proses pengujian. Pengujian akan dilakukan masing-masing 10 kali untuk tiap ukuran generasi yang berbeda dengan kenaikan nilai kelipatan 10 untuk setiap percobaan, sehingga total pengujian sejumlah 100 kali. Parameter yang digunakan selain ukuran populasi adalah nilai *Cr*, *Mr*, dan ukuran populasi. Perancangan pengujian ukuran generasi akan ditunjukkan pada Tabel 4.16.

**Tabel 4. 16 Perancangan Pengujian Ukuran Generasi**

Generasi	Nilai <i>Fitness</i>										Rata-rata
	Percobaan ke-										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
10											
20											
30											
40											
50											
60											
70											
80											
90											
100											

#### 4.5.3 Pengujian Nilai *Crossover Rate* dan *Mutation Rate*

Pada penelitian ini nilai yang optimal dari *crossover rate* dan *mutation rate* akan didapatkan melalui suatu proses pengujian. Pengujian akan dilakukan

dengan menggunakan kombinasi nilai *crossover rate* dan *mutation rate* yang berbeda dengan rentang nilai 0.1 sampai 1.0. Parameter yang digunakan selain nilai *crossover rate* dan *mutation rate* adalah ukuran populasi dan generasi terbaik yang telah diuji sebelumnya yang ditunjukkan pada Tabel masing-masing 4.15 dan 4.16. Perancangan pengujian ukurankombinasi *crossover rate* dan *mutation rate* ditunjukkan pada Tabel 4.17.

**Tabel 4. 17 Perancangan Pengujian Kombinasi *Crossover Rate* dan *Mutation Rate***

Cr	Mr	Nilai <i>Fitness</i>										Rata-rata
		Percobaan ke-										
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
0.1	1											
0.2	0.9											
0.3	0.8											
0.4	0.7											
0.5	0.6											
0.6	0.5											
0.7	0.4											
0.8	0.3											
0.9	0.2											
1	0.1											

#### 4.5.4 Pengujian Menggunakan Parameter Terbaik

Pada penelitian ini untuk memperoleh hasil yang optimal dari algoritma genetika diperlukan suatu proses pengujian. Berdasarkan pengujian sebelumnya yang dilakukan terhadap ukuran generasi, populasi dan nilai *crossover rate* serta *mutation rate* diperoleh nilai *fitness* dengan rata-rata terbaik. Sehingga akan didapatkan perbandingan hasil akhir dari diagnosis pakar, sistem dengan metode *fuzzy* Tsukamoto dan sistem dengan metode *fuzzy* Tsukamoto yang telah dioptimasi ditunjukkan pada Tabel 4.18.

**Tabel 4. 18 Hasil Perbandingan Pakar, *Fuzzy* Tsukamoto dan *Fuzzy* Tsukamoto Teroptimasi**

No	Gejala	Diagnosa Pakar	Perbandingan Pakar dan <i>Fuzzy</i>		Perbandingan Pakar dan <i>Fuzzy</i> Teroptimasi	
			Hasil	Akurasi	Hasil	Akurasi

## BAB 5 IMPLEMENTASI

Pada bab implementasi ini akan dibahas tentang struktur kelas, database, implementasi program untuk penerapan Algoritme Genetika Pada Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi *Fuzzy* Tsukamoto Untuk Diagnosis Penyakit HIV.

### 5.1 Struktur Kelas

Berdasarkan perancangan yang telah dilakukan maka dibentuk fungsi utama dari algoritme genetika yang terdiri dari 6 kelas utama, yaitu:

1. Kelas *myOptim* adalah kelas dari proses menginisialisasi kromosom
2. Kelas *myFuzzy* adalah kelas dari proses perhitungan *fuzzy* Tsukamoto
3. Kelas *populasi* adalah kelas dari proses perhitungan algoritme genetika yaitu *crossover*, *mutasi*, evaluasi dan seleksi
4. Kelas *individu* adalah kelas dari proses perhitungan nilai *fitness*
5. Kelas *Rule* adalah kelas dari proses pengambilan aturan pakar
6. Kelas *Dataset* adalah kelas dari proses perhitungan pembobotan terhadap nilai data uji

### 5.2 Implementasi Program

Sub bab ini akan menjelaskan tentang implementasi program penerapan algoritme genetika pada optimasi fungsi keanggotaan sistem inferensi *fuzzy* Tsukamoto untuk diagnosis penyakit HIV. Penjelasan program akan terbagi menjadi kedalam 5 bagian kode program yaitu kode program untuk populasi awal, kode program untuk reproduksi *crossover* dan *mutation*, kode program untuk mencari nilai kebugaran (*fitness*) dan kode program untuk melakukan seleksi.

#### 5.2.1 Implementasi Populasi Awal

Implementasi populasi awal ini berdasarkan diagram alir yang telah dirancang pada bab 4 yaitu sub bab 4.3.2. Pada Kode Program 5.1 akan ditampilkan potongan kode program untuk proses pembentukan populasi awal, dimana sebuah kromosom akan terbentuk dari 34 gen yang diinisialisasi secara acak.

1	<code>m_population = new Individu[POP_SIZE];</code>
2	<code>for (int i = 0; i &lt; POP_SIZE; i++) {</code>
3	<code>    m_population[i] = new Individu();</code>
4	<code>    double[] myCromo = new double[] {</code>
5	<code>        // Sarkoma_Kaposi</code>
6	
7	<code>    randomValue(fuzzy.m_sarkoma_Kaposi.min_range,</code>
8	<code>    fuzzy.m_sarkoma_Kaposi.max_range), // 0</code>
9	
10	<code>    randomValue(fuzzy.m_sarkoma_Kaposi.min_range,</code>
11	<code>    fuzzy.m_sarkoma_Kaposi.max_range), // 1</code>
12	
13	<code>    randomValue(fuzzy.m_sarkoma_Kaposi.min_range,</code>
14	<code>    fuzzy.m_sarkoma_Kaposi.max_range), // 2</code>

```

15 // Pneumonia
16
17 randomValue(fuzzy.m_pneumonia.min_range,
18 fuzzy.m_pneumonia.max_range), //3
19
20 randomValue(fuzzy.m_pneumonia.min_range,
21 fuzzy.m_pneumonia.max_range), //4
22
23 randomValue(fuzzy.m_pneumonia.min_range,
24 fuzzy.m_pneumonia.max_range), //5
25 // Riwayat_keluarga
26
27 randomValue(fuzzy.m_riwayat_keluarga.min_range,
28 fuzzy.m_riwayat_keluarga.max_range), //6
29
30 randomValue(fuzzy.m_riwayat_keluarga.min_range,
31 fuzzy.m_riwayat_keluarga.max_range), //7
32
33 randomValue(fuzzy.m_riwayat_keluarga.min_range,
34 fuzzy.m_riwayat_keluarga.max_range), //8
35 // Pola_hidup
36
37 randomValue(fuzzy.m_pola_hidup.min_range,
38 fuzzy.m_pola_hidup.max_range), //9
39
40 randomValue(fuzzy.m_pola_hidup.min_range,
41 fuzzy.m_pola_hidup.max_range), //10
42 // Demam
43 randomValue(fuzzy.m_demam.min_range,
44 fuzzy.m_demam.max_range), //11
45 randomValue(fuzzy.m_demam.min_range,
46 fuzzy.m_demam.max_range), //12
47 randomValue(fuzzy.m_demam.min_range,
48 fuzzy.m_demam.max_range), //13
49 // Penurunan_kesadaran
50
51 randomValue(fuzzy.m_penurunan_kesadaran.min_range,
52 fuzzy.m_penurunan_kesadaran.max_range), //14
53
54 randomValue(fuzzy.m_penurunan_kesadaran.min_range,
55 fuzzy.m_penurunan_kesadaran.max_range), // 15
56 // Berat_badan
57
58 randomValue(fuzzy.m_berat_badan.min_range,
59 fuzzy.m_berat_badan.max_range), //16
60
61 randomValue(fuzzy.m_berat_badan.min_range,
62 fuzzy.m_berat_badan.max_range), //17
63
64 randomValue(fuzzy.m_berat_badan.min_range,
64 fuzzy.m_berat_badan.max_range), //18
65 // Diare
66

```

```

67         randomValue(fuzzy.m_diare.min_range,
68         fuzzy.m_diare.max_range), //19
69         randomValue(fuzzy.m_diare.min_range,
70         fuzzy.m_diare.max_range), //20
71         randomValue(fuzzy.m_diare.min_range,
72         fuzzy.m_diare.max_range), //21
73         //          Batuk
74         randomValue(fuzzy.m_batuk.min_range,
75         fuzzy.m_batuk.max_range), //22
76         randomValue(fuzzy.m_batuk.min_range,
77         fuzzy.m_batuk.max_range), //23
78         randomValue(fuzzy.m_batuk.min_range,
79         fuzzy.m_batuk.max_range), //24
80         //          Kelainan_kulit
81
82         randomValue(fuzzy.m_kelainan_kulit.min_range,
83         fuzzy.m_kelainan_kulit.max_range), //25
84
85         randomValue(fuzzy.m_kelainan_kulit.min_range,
86         fuzzy.m_kelainan_kulit.max_range), //26
87
88         randomValue(fuzzy.m_kelainan_kulit.min_range,
89         fuzzy.m_kelainan_kulit.max_range), //27
90
91         randomValue(fuzzy.m_kelainan_kulit.min_range,
92         fuzzy.m_kelainan_kulit.max_range), //28
93         //
94         Limpadenopati_generalisata
95
96         randomValue(fuzzy.m_limpadenopati_generalisata.min_range,
97         fuzzy.m_limpadenopati_generalisata.max_range), //29
98
99         randomValue(fuzzy.m_limpadenopati_generalisata.min_range,
100        fuzzy.m_limpadenopati_generalisata.max_range), //30
101
102        randomValue(fuzzy.m_limpadenopati_generalisata.min_range,
103        fuzzy.m_limpadenopati_generalisata.max_range), //31
104        //          Pekerjaan
105
106        randomValue(fuzzy.m_limpadenopati_generalisata.min_range,
107        fuzzy.m_limpadenopati_generalisata.max_range), //32
108
109        randomValue(fuzzy.m_limpadenopati_generalisata.min_range,
110        fuzzy.m_limpadenopati_generalisata.max_range), //33
111        };
112
113        m_population[i].randKromosom(myCromo);
114    }

```

**Kode Program 5. 1 Kode Program Implementasi Populasi Awal**

Kode program implementasi populasi awal akan dijelaskan dalam langkah-langkah sebagai berikut:

1. Baris 1 adalah proses pembangkitan populasi



2. Baris 2 – 4 adalah proses perulangan pembentukan kromosom sebanyak POP\_SIZE
3. Baris 5 – 14 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk *sarkoma kaposi*
4. Baris 15 – 24 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk *pnemonia*
5. Baris 25 – 34 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk riwayat keluarga
6. Baris 35 – 41 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk pola hidup
7. Baris 42 – 48 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk demam
8. Baris 49 – 55 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk penurunan kesadaran
9. Baris 56 – 64 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk berat badan
10. Baris 65 – 72 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk diare
11. Baris 73 – 79 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk batuk
12. Baris 80 – 92 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk kelainan kulit
13. Baris 93 – 103 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk *limfadenopati generalisata*
14. Baris 104 – 111 adalah proses pembangkitan nilai kromosom untuk pekerjaan
15. Baris 113 adalah pembentukan nilai kromosom secara *random*

### 5.2.2 Implementasi Proses *Crossover*

Implementasi *crossover* ini berdasarkan diagram alir yang telah dirancang pada bab 4 yaitu sub bab 4.3.3. Pada Kode Program 5.2 akan ditampilkan potongan kode program untuk proses reproduksi (*crossover*) dengan teknik *one-cut point*, dimana teknik ini membutuhkan dua individu, selanjutnya memilih satu posisi gen secara acak yang digunakan sebagai titik potong untuk dilakukan pemotongan kromosom. Selanjutnya kromosom yang berada setelah titik potong akan ditukar dengan individu lainnya dan sebaliknya.

```

1      public Individu[] crossover(Individu indiv1,
2      Individu indiv2) {
3          Individu[] newIndiv = new Individu[2];
4          newIndiv[0] = new Individu();
5          newIndiv[1] = new Individu();
6
7          int randPoint =
8      m_rand.nextInt(Individu.SIZE);
9          int i;
10         for (i = 0; i < randPoint; ++i) {
11             newIndiv[0].setKromosom(i,
12     indiv1.getKromosom(i));
13             newIndiv[1].setKromosom(i,
14     indiv2.getKromosom(i));
15         }

```

16	for (; i < Individu.SIZE; ++i) {
17	newIndiv[0].setKromosom(i,
18	indiv2.getKromosom(i));
19	newIndiv[1].setKromosom(i,
20	indiv1.getKromosom(i));
21	}
22	
23	return newIndiv;
24	}

#### Kode Program 5. 2 Kode Program Implementasi *Crossover (One-cut Point)*

Kode program implementasi *crossover (one-cut point)* akan dijelaskan dalam langkah-langkah sebagai berikut:

1. Baris 3 adalah inisialisasi *array* individu 1 dimensi untuk pembangkitan fungsi individu
2. Baris 4 adalah inisialisasi *array* 1 dimensi newIndiv 1
3. Baris 5 adalah inisialisasi *array* 1 dimensi newIndiv 2
4. Baris 7 – 9 adalah inisialisasi *integer* individu sepanjang SIZE = 34
5. Baris 10 – 15 adalah pembangkitan nilai titik potong pada dua individu terpilih
6. Baris 16 – 21 adalah proses pertukaran nilai kromosom yang berada setelah gen hasil titik potong *crossover* terpilih
7. Baris 23 adalah hasil proses *crossover*

#### 5.2.3 Implementasi Proses *Mutation*

Implementasi *mutation* ini berdasarkan diagram alir yang telah dirancang pada bab 4 yaitu sub bab 4.3.3. Pada Kode Program 5.3 akan ditampilkan potongan kode program untuk proses reproduksi (*mutation*) dengan teknik *reciprocal exchange* dimana teknik ini membutuhkan sebuah individu secara acak, selanjutnya memerlukan dua posisi gen (*exchange point*) secara acak. Kedua nilai gen dari posisi yang telah dipilih akan ditukarkan.

1	public void mutasi() {
2	Random rand = new Random();
3	int index = rand.nextInt(SIZE);
4	this.setKromosom(index, 1-
5	this.getKromosom(index)); // flip
6	}

#### Kode Program 5. 3 Kode Program Implementasi *Mutation (Reciprocal Exchange)*

Kode program implementasi *mutation (reciprocal exchange)* akan dijelaskan dalam langkah-langkah sebagai berikut:

1. Baris 2 adalah pembangkitan fungsi random
2. Baris 3 adalah inisialisasi *integer* penentuan suatu titik pada gen
3. Baris 5 adalah proses pertukaran nilai gen pada titik yang posisi gen yang ditentukan

#### 5.2.4 Implementasi Nilai *Fitness*

Implementasi nilai *fitness* ini berdasarkan diagram alir yang telah dirancang pada bab 4 yaitu sub bab 4.3.4. Pada Kode Program 5.4 akan ditampilkan potongan kode program untuk proses mencari nilai kebugaran (*fitness*). Nilai tersebut didapatkan berdasarkan jumlah nilai akurasi perbandingan antara sistem menggunakan metode *fuzzy* Tsukamoto yang telah teroptimasi dengan hasil diagnosa yang didapatkan dari pakar dibagi jumlah seluruh data uji.

```

1      public int evaluasi(myFuzzy fuzzy) {
2          int fitness = 0;
3          double[] myCromo = getKromosom();
4          fuzzy.initFuzzyRange(new
5      double[]{myCromo[0], myCromo[1], myCromo[2]},
6          new double[]{myCromo[3], myCromo[4],
7      myCromo[5]},
8          new double[]{myCromo[6], myCromo[7],
9      myCromo[8]},
10         new double[]{myCromo[9],
11      myCromo[10]},
12         new double[]{myCromo[11],
13      myCromo[12], myCromo[13]},
14         new double[]{myCromo[14],
15      myCromo[15]},
16         new double[]{myCromo[16],
17      myCromo[17], myCromo[18]},
18         new double[]{myCromo[19],
19      myCromo[20], myCromo[21]},
20         new double[]{myCromo[22],
21      myCromo[23], myCromo[24]},
22         new double[]{myCromo[25],
23      myCromo[26], myCromo[27], myCromo[28]},
24         new double[]{myCromo[29],
25      myCromo[30], myCromo[31]},
26         new double[]{myCromo[32],
27      myCromo[33]}));
28
29
30         fitness = fuzzy.Uji_Data(false);
31         this.setFitnessValue(fitness);
32         return fitness;
33     }
34 }

```

**Kode Program 5. 4 Kode Program Implementasi Nilai *Fitness***

Kode program implementasi nilai *fitness* akan dijelaskan dalam langkah-langkah sebagai berikut:

1. Baris 2 adalah inisialisasi *integer* nilai awal *fitness*
2. Baris 3 adalah proses inisialisai pembentukan *array double* 1 dimensi untuk nilai kromosom
3. Baris 4 – 27 adalah proses penyimpanan nilai kromosom yang terbentuk

4. Baris 30 – 32 adalah proses perhitungan nilai *fitness* kromosom dengan mengujikan nilai kromosom pada data uji

### 5.2.5 Implementasi Proses Seleksi

Implementasi seleksi ini berdasarkan diagram alir yang telah dirancang pada bab 4 yaitu sub bab 4.3.5. Pada Kode Program 5.5 akan ditampilkan potongan kode program untuk proses seleksi. Berdasarkan proses-proses yang dilakukan sebelumnya akan didapatkan hasil *offspring* beserta nilai *fitness* untuk masing-masing individu. Selanjutnya individu tersebut akan digabung untuk dilakukan proses pengurutan berdasarkan nilai *fitness* tertinggi. Setelah diperoleh urutan individu terbaik maka akan dipilih sejumlah nilai populasi yang telah ditentukan untuk digunakan pada generasi berikutnya.

```

1      public Individu findBestIndividu () {
2          int idxMax = 0, idxMin = 0;
3          double currentMax = 0.0;
4          double currentMin = 1.0;
5          double currentVal;
6
7          for (int idx = 0; idx < POP_SIZE; ++idx) {
8              currentVal =
9              m_population[idx].getFitnessValue();
10             if (currentMax < currentMin) {
11                 currentMax = currentMin =
12                 currentVal;
13                 idxMax = idxMin = idx;
14             }
15             if (currentVal > currentMax) {
16                 currentMax = currentVal;
17                 idxMax = idx;
18             }
19             if (currentVal < currentMin) {
20                 currentMin = currentVal;
21                 idxMin = idx;
22             }
23         }
24
25         //return m_population[idxMin];
26         return m_population[idxMax];
27     }

```

**Kode Program 5. 5 Kode Program Implementasi Seleksi**

Kode program implementasi proses seleksi akan dijelaskan dalam langkah-langkah sebagai berikut:

1. Baris 2 adalah proses inisialisasi *integer* nilai *fitness* max dan min
2. Baris 3 adalah proses inisialisasi *double* nilai *fitness* tertinggi sementara
3. Baris 4 adalah proses inisialisasi *double* nilai *fitness* terendah sementara
4. Baris 5 adalah proses inisialisasi *double* nilai *fitness* saat ini sementara
5. Baris 7 – 23 adalah proses untuk mencari nilai *fitness* tertinggi dari kromosom

### 5.3 Implementasi Tampilan Sistem

Pada implementasi tampilan sistem akan ditampilkan halaman antarmuka yang menjadi sarana komunikasi diantara pengguna dengan sistem. Terdapat 4 halaman utama yang menjadi antarmuka sistem yaitu halaman utama, halaman data uji, halaman aturan pakar dan halaman hasil. Berikut ini merupakan tampilan sistem tersebut.

#### 5.3.1 Tampilan Halaman Utama

Tampilan halaman utama ini akan menampilkan kolom-kolom masukan nilai yang diinputkan berdasarkan pengguna diantaranya nilai jumlah generasi, nilai jumlah populasi, *crossover rate* dan *mutation rate*. Tampilan halaman utama terdapat pada Gambar 5.1.

Gambar 5. 1 Implementasi Halaman Utama

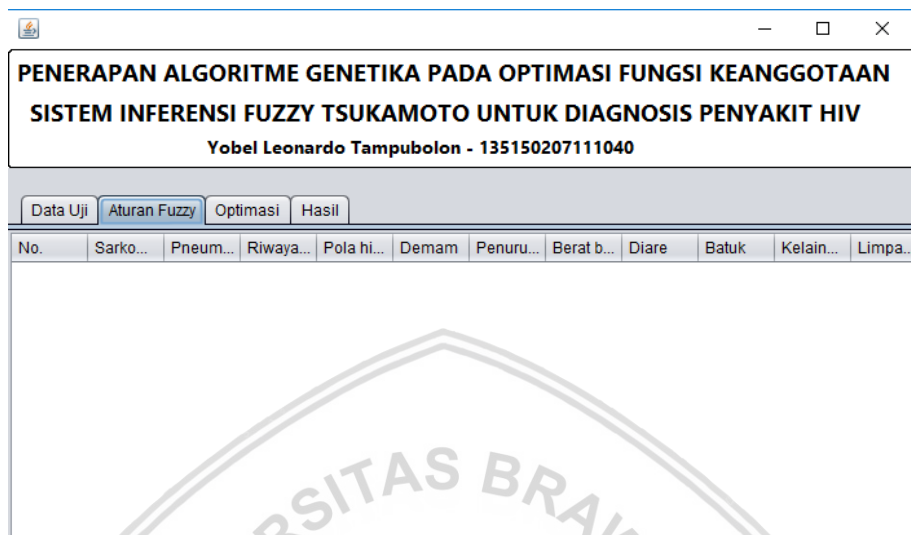
#### 5.3.2 Tampilan Halaman Data Uji

Tampilan halaman data uji ini akan menampilkan seluruh data yang akan digunakan sebagai pengujian pada sistem untuk memperoleh batasan fungsi keanggotaan yang optimal. Tampilan halaman data uji terdapat pada Gambar 5.2.

Gambar 5. 2 Implementasi Halaman Data Uji

### 5.3.3 Tampilan Halaman Aturan Fuzzy

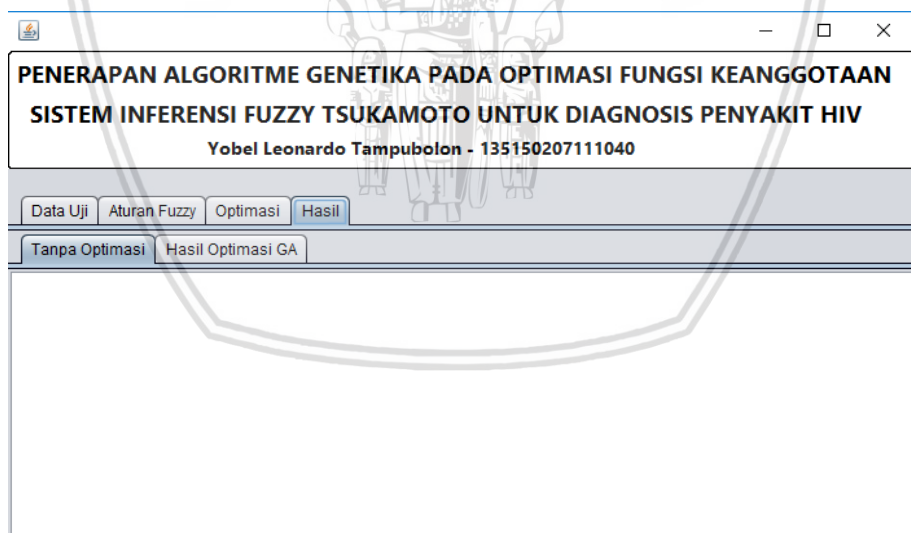
Tampilan halaman aturan *fuzzy* ini akan menampilkan seluruh aturan yang digunakan pada sistem. Tampilan halaman aturan pakar terdapat pada Gambar 5.3.



Gambar 5. 3 Implementasi Halaman Aturan Pakar

### 5.3.4 Tampilan Halaman Hasil Diagnosis

Tampilan halaman hasil ini akan menampilkan hasil yang diperoleh yaitu sebuah diagnosis penyakit *HIV*. Tampilan halaman hasil terdapat pada Gambar 5.4.



Gambar 5. 4 Implementasi Halaman Hasil



## BAB 6 PENGUJIAN

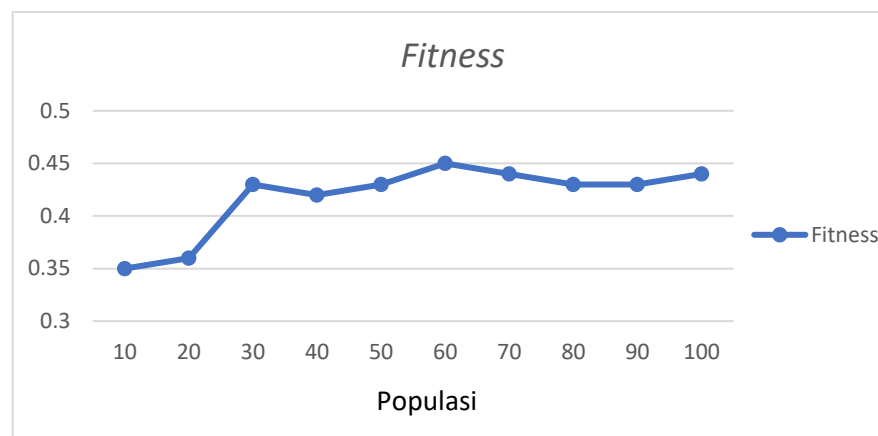
Pada bab pengujian ini akan dibahas tentang hasil yang diperoleh dari pengujian terhadap algoritme yang digunakan sesuai pada skenario pengujian yang pada bab sebelumnya telah dirancang.

### 6.1 Hasil Pengujian Nilai Populasi

Pada pengujian populasi akan dilakukan untuk mendapatkan jumlah nilai populasi terbaik guna mendapatkan kromosom dengan nilai *fitness* yang tinggi. Proses pengujian akan dilakukan sebanyak 10 percobaan untuk masing-masing ukuran populasi yang berbeda dengan kenaikan nilai kelipatan 10 untuk setiap percobaan, sehingga total pengujian sejumlah 100 kali. Parameter yang digunakan selain ukuran populasi adalah nilai *Cr* yaitu 0.7, *Mr* yaitu 0.5 dan ukuran generasi yaitu 50. Pengujian nilai populasi ditunjukkan pada Tabel 6.1.

**Tabel 6. 1 Pengujian Nilai Populasi**

Populasi	Nilai <i>Fitness</i>										Rata-rata
	Percobaan ke-										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
10	0.29	0.37	0.41	0.41	0.41	0.41	0.29	0.29	0.29	0.37	0.35
20	0.45	0.45	0.29	0.37	0.29	0.29	0.41	0.41	0.37	0.29	0.36
30	0.45	0.45	0.45	0.29	0.45	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.43
40	0.45	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.41	0.29	0.45	0.41	0.42
50	0.45	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.37	0.43
60	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45
70	0.45	0.45	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.44
80	0.45	0.41	0.41	0.45	0.41	0.45	0.41	0.41	0.45	0.45	0.43
90	0.45	0.45	0.45	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.41	0.41	0.43
100	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.45	0.44
Nilai rata-rata terbaik											0.45



**Gambar 6. 1 Pengujian Nilai Populasi**

Pada Gambar 6.1 menjelaskan bahwa nilai rata-rata *fitness* tertinggi terjadi pada populasi dengan nilai 60 yang menghasilkan nilai *fitness* 0.45, sedangkan nilai rata-rata *fitness* terendah terjadi pada populasi dengan nilai 10 yang menghasilkan nilai *fitness* 0.36. Dari grafik pengujian tersebut dapat diamati bahwa semakin besar ukuran populasi akan memungkinkan memperoleh kromosom dengan nilai *fitness* yang baik.

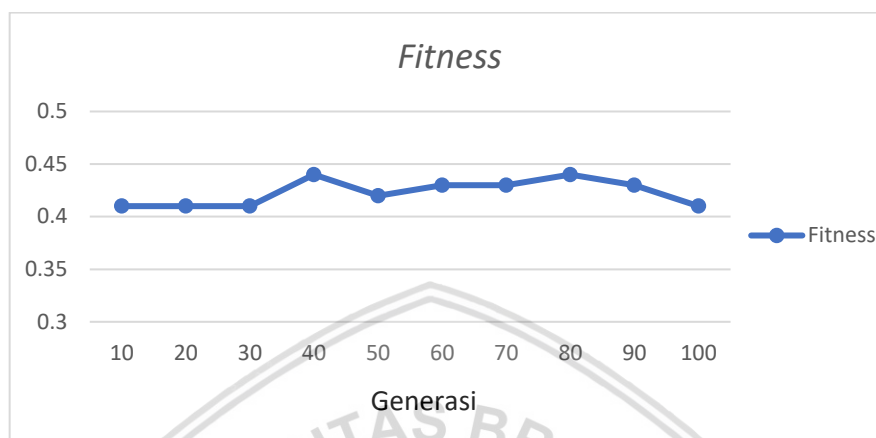
## 6.2 Hasil Pengujian Nilai Generasi

Pada pengujian generasi akan dilakukan untuk mendapatkan jumlah nilai populasi terbaik guna mendapatkan kromosom dengan nilai *fitness* yang tinggi. Proses pengujian akan dilakukan sebanyak 10 percobaan untuk masing-masing ukuran generasi yang berbeda dengan kenaikan nilai kelipatan 10 untuk setiap percobaan, sehingga total pengujian sejumlah 100 kali. Parameter yang digunakan selain ukuran generasi adalah nilai *Cr* yaitu 0.5, *Mr* yaitu 0.5 dan ukuran populasi yaitu 50. Pengujian nilai generasi ditunjukkan pada Tabel 6.2.

**Tabel 6. 2 Pengujian Nilai Generasi**

Generasi	Nilai <i>Fitness</i>										Rata-rata
	Percobaan ke-										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
10	0.37	0.41	0.45	0.41	0.41	0.45	0.45	0.45	0.37	0.37	0.41
20	0.41	0.45	0.29	0.45	0.45	0.29	0.45	0.45	0.45	0.45	0.41
30	0.45	0.29	0.45	0.45	0.45	0.29	0.41	0.45	0.45	0.45	0.41
40	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.41	0.45	0.45	0.41	0.44
50	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.29	0.41	0.37	0.42
60	0.45	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.45	0.37	0.45	0.45	0.43
70	0.45	0.45	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.37	0.43
80	0.41	0.45	0.45	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.44

90	0.45	0.45	0.45	0.41	0.41	0.45	0.45	0.45	0.41	0.45	0.43
100	0.45	0.45	0.45	0.41	0.37	0.29	0.45	0.45	0.41	0.45	0.41
Nilai rata-rata terbaik											0.44



Gambar 6. 2 Pengujian Nilai Generasi

Pada Gambar 6.2 menjelaskan bahwa nilai rata-rata *fitness* tertinggi terjadi pada generasi dengan nilai 40 yang menghasilkan nilai *fitness* 0.44, sedangkan nilai rata-rata *fitness* terendah terjadi pada populasi dengan nilai 10 yang menghasilkan nilai *fitness* 0.41. Dari grafik pengujian tersebut dapat diamati bahwa semakin besar ukuran populasi akan memungkinkan memperoleh kromosom dengan nilai *fitness* yang baik. Tetapi semakin besar ukuran generasi akan membutuhkan waktu eksekusi yang relatif lama dan tidak menentukan akan menghasilkan kromosom dengan nilai *fitness* yang baik.

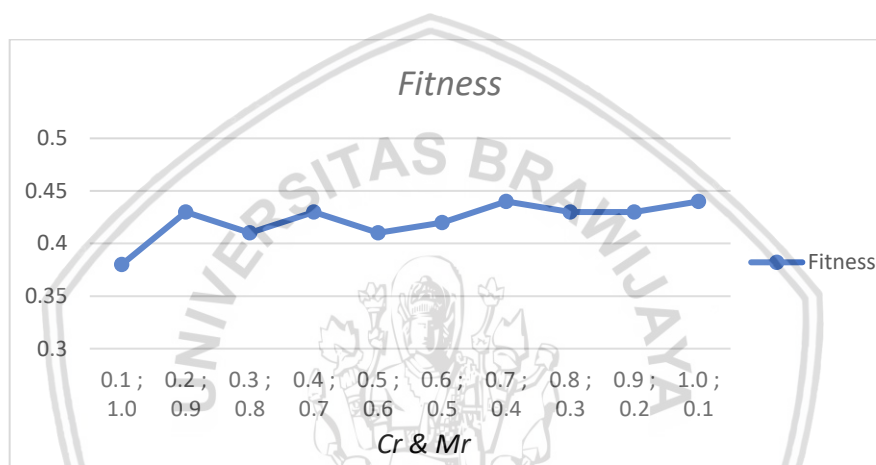
### 6.3 Hasil Pengujian Nilai Kombinasi *Crossover rate* & *Mutation rate*

Pengujian akan dilakukan dengan menggunakan kombinasi nilai *crossover rate* dan *mutation rate* yang berbeda dengan rentang nilai 0.1 sampai 1.0. Parameter yang digunakan selain nilai *crossover rate* dan *mutation rate* adalah ukuran populasi dan generasi terbaik yang telah diuji sebelumnya yang ditunjukkan pada Tabel masing-masing 6.1 dan 6.2. Pengujian kombinasi *crossover rate* & *mutation rate* ditunjukkan pada Tabel 6.3.

Tabel 6. 3 Pengujian Kombinasi *Crossover Rate* dan *Mutation Rate*

Cr	Mr	Nilai <i>Fitness</i>										Rata-rata
		Percobaan ke-										
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	
0.1	1	0.41	0.41	0.41	0.33	0.41	0.29	0.41	0.41	0.33	0.41	0.38
0.2	0.9	0.45	0.45	0.37	0.45	0.41	0.45	0.45	0.41	0.41	0.45	0.43
0.3	0.8	0.45	0.29	0.45	0.45	0.41	0.41	0.45	0.33	0.45	0.45	0.41

0.4	0.7	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.41	0.45	0.37	0.43
0.5	0.6	0.45	0.45	0.37	0.45	0.29	0.45	0.29	0.45	0.45	0.45	0.41
0.6	0.5	0.45	0.45	0.29	0.37	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.42
0.7	0.4	0.45	0.41	0.41	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.44
0.8	0.3	0.45	0.29	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.43
0.9	0.2	0.45	0.45	0.45	0.45	0.45	0.37	0.45	0.37	0.45	0.41	0.43
1	0.1	0.45	0.45	0.45	0.45	0.41	0.45	0.41	0.45	0.45	0.45	0.44
Nilai rata-rata terbaik												0.44



**Gambar 6. 3 Pengujian Nilai *Crossover Rate* dan *Mutation Rate***

Pada Gambar 6.1 menjelaskan bahwa nilai rata-rata *fitness* tertinggi terjadi pada kombinasi *crossover rate* dan *mutation rate* dengan nilai 0.70 & 0.40 yang menghasilkan nilai *fitness* 0.44, sedangkan nilai rata-rata *fitness* terendah terjadi pada kombinasi *crossover rate* dan *mutation rate* dengan nilai 0.10 & 1.00 yang menghasilkan nilai *fitness* 0.38.

#### 6.4 Hasil Pengujian Nilai Parameter Terbaik

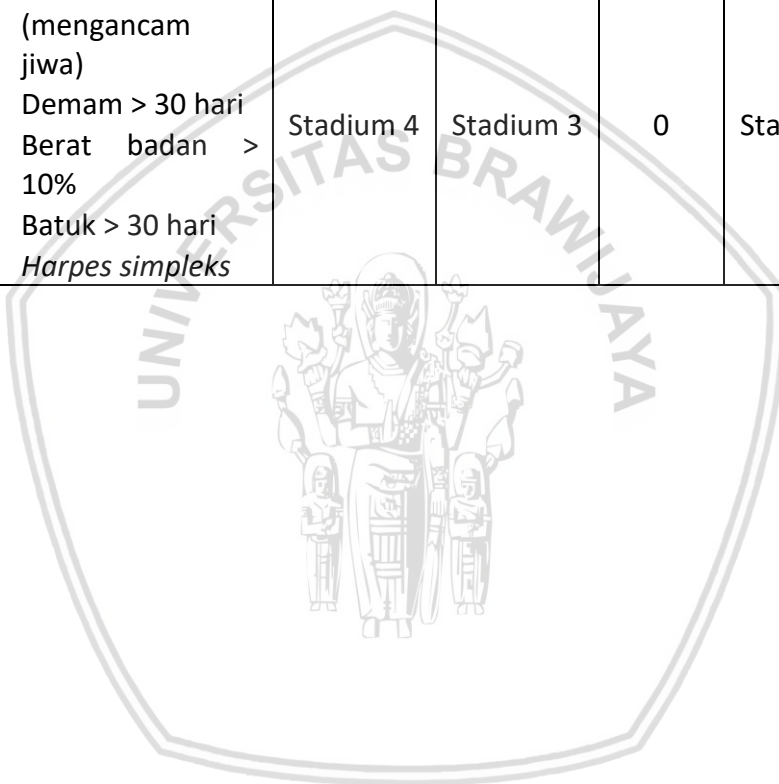
Pengujian akan dilakukan dengan menggunakan kombinasi seluruh nilai parameter terbaik yang telah didapatkan pada pengujian sebelumnya. Hasil dari pengujian ukuran parameter ditunjukkan pada Tabel 6.4.

**Tabel 6. 4 Hasil Perbandingan Pakar, *Fuzzy Tsukamoto* dan *Fuzzy Tsukamoto Teroptimasi***

No	Gejala	Diagnosa Pakar	Perbandingan Pakar dan <i>Fuzzy</i>		Perbandingan Pakar dan <i>Fuzzy Teroptimasi</i>	
			Hasil	Akurasi	Hasil	Akurasi
1	• Seks bebas	Stadium 1	Stadium 3	0	Stadium 1	1

2	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (mengancam jiwa)</li> <li>• Seks bebas</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 4	Stadium 3	0	Stadium 1	0
3	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Narkoba suntik</li> <li>• Demam &gt; 3 bulan</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 4	Stadium 3	0	Stadium 1	0
4	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Penurunan kesadaran</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> </ul>	Stadium 3	Stadium 3	1	Stadium 3	1
5	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (tidak mengancam)</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 3	Stadium 3	1	Stadium 2	0
6	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (tidak mengancam)</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Diare <i>kriptokokosis</i></li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 3	Stadium 3	1	Stadium 2	0
7	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (mengancam jiwa)</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Diare &gt; 30 hari</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 4	Stadium 3	0	Stadium 2	0
8	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Tatto</li> <li>• Penurunan kesadaran</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> </ul>	Stadium 4	Stadium 3	0	Stadium 3	0

	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Diare <i>kriptokokosis</i></li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> <li>• Harpes simpleks</li> </ul>					
9	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (tidak mengancam)</li> <li>• Narkoba suntik</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> </ul>	Stadium 3	Stadium 3	1	Stadium 1	0
10	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <i>Pneumonia</i> (mengancam jiwa)</li> <li>• Demam &gt; 30 hari</li> <li>• Berat badan &gt; 10%</li> <li>• Batuk &gt; 30 hari</li> <li>• <i>Harpes simpleks</i></li> </ul>	Stadium 4	Stadium 3	0	Stadium 2	0





## BAB 7 PENUTUP

Pada bab kesimpulan ini membahas tentang hasil yang diperoleh dari penelitian penerapan algoritme genetika pada optimasi fungsi keanggotaan sistem inferensi *fuzzy* Tsukamoto untuk diagnosis penyakit *HIV*. Berikut merupakan kesimpulan dan saran yang diberikan oleh peneliti agar dapat membuat sebuah sistem yang lebih baik lagi.

### 7.1 Kesimpulan

Berdasarkan tahapan yang telah dilakukan dan proses pengujian terhadap sistem optimasi fungsi keanggotaan sistem inferensi *fuzzy* Tsukamoto untuk diagnosis penyakit *HIV*, maka kesimpulan yang diperoleh adalah sebagai berikut:

1. Metode algoritme genetika dapat digunakan pada permasalahan optimasi fungsi keanggotaan *FIS* Tsukamoto untuk diagnosis penyakit *HIV*. Proses yang dilakukan antara lain representasi kromosom menggunakan *real-code*, reproduksi *crossover* dengan teknik *one-cut point* dan *mutation* dengan teknik *reciprocal mutation*, serta metode *elitism* untuk melakukan proses seleksi.
2. Berdasarkan pengujian yang dilakukan terhadap nilai setiap parameter maka penulis menyimpulkan setiap nilai tersebut akan mempengaruhi hasil kromosom terbaik yang akan dipakai sebagai batasan fungsi keanggotaan yang baru. Hasil nilai akurasi tidak sepenuhnya tergantung dengan semakin besarnya nilai parameter dari generasi atau populasi yang diujikan, namun semakin besar nilai parameter tersebut akan memerlukan waktu pengujian yang lama. Pada penelitian ini nilai parameter yang menghasilkan nilai akurasi terbaik yaitu populasi sebesar 60, generasi 40, *Cr* sebesar 0.70 dan *Mr* sebesar 0.40.
3. Pengujian yang telah dilakukan pada optimasi metode *fuzzy* Tsukamoto menghasilkan akurasi dengan tingkat yang lebih baik dibandingkan dengan metode *fuzzy* Tsukamoto sebelumnya. *Fuzzy* Tsukamoto yang telah teroptimasi menghasilkan akurasi sebesar 45%, akurasi tersebut mengalami peningkatan sebesar 20% dibandingkan dengan *fuzzy* Tsukamoto tanpa optimasi yang menghasilkan nilai akurasi sebesar 25%.

### 7.2 Saran

Beberapa masukan yang penulis berikan sebagai bahan untuk penelitian selanjutnya yaitu:

1. Selain adanya proses optimasi fungsi keanggotaan, diperlukan adanya perbaikan aturan pakar pada mesin inferensi *FIS* Tsukamoto, sehingga nantinya proses diagnosis penyakit *HIV* menjadi lebih akurat.
2. Teknik yang digunakan dalam proses reproduksi dan seleksi pada penelitian ini dapat digantikan menggunakan teknik yang lain sehingga

memberikan hasil yang beragam dan menjadi pembanding untuk mengetahui teknik yang lebih baik dalam proses optimasi.

3. Metode *Hill Climbing* yang memiliki tujuan dalam perbaikan kromosom pada algoritme genetika dapat menjadi salah satu metode yang bisa diterapkan dalam melakukan proses optimasi fungsi keanggotaan. Metode tersebut dirasa mampu memberikan hasil akhir yang lebih optimal dan efektif jika dibanding hanya menggunakan algoritme genetika saja.



## DAFTAR PUSTAKA

- Agarwal, S. & Vasan, A. 2016. *Computational Strategy for Structural Analysis, Design, and Optimization of Trusses Using Genetic Algorithm and Particle Swarm Optimization*. *IEEE 6th International Conference on Advanced Computing (IACC)*, 203-207.
- D.E. Goldberg., 1989. *Genetic Algorithms in Search, optimization and machine learning*.
- Direktorat Jendral KemenKes RI., 2016. *Laporan Perkembangan Situasi HIV-AIDS di Indonesia*
- Dr Dupagne D., 2016. *Pengertian HIV Dan AIDS*. Tersedia di: <<http://www.alodokter.com/HIV-and-aids>> [Diakses 6 Maret 2017].
- Fitri, Alfiani., 2017. *Optimasi Keanggotaan Fuzzy Tsukamoto Menggunakan Algoritma Genetika pada Penentuan Prioritas Penerima Zakat*.
- Hawari D., 2006. *Global effect HIV/AIDS : Dimensi Psikoreligi*.
- Kotimah Q., 2016. *Penerapan Algoritme Genetika Pada Optimasi Fungsi Keanggotaan Sistem Inferensi Fuzzy Tsukamoto Untuk Penentuan Kualitas Air Sungai*.
- Kementrian Kesehatan RI., 2014. *InfoDATIN: Situasi dan Analisis HIV AIDS*.
- Kurnianingtyas D, et al., 2017. *Optimasi Derajat Keanggotaan Fuzzy Tsukamoto Menggunakan Algoritme Genetika Untuk Diagnosis Penyakit Sapi Potong*, Vol 4, No 1 (2017).
- Kusumadewi, Sri & Sri Hartati., 2011. *Sistem Pendukung Keputusan Peramalan Cuaca dengan Menggunakan Logika Fuzzy Mamdani, Fakultas Teknologi Informasi Jakarta*
- Lailiyah, Vika., 2016. *Pemodelan Sistem Pakar Diagnosis Penyakit HIV Menggunakan Metode Fuzzy Tsukamoto*.
- Mario, Rossy., 2015. *Penyakit Menular*. Tersedia di: <<http://mencegahpenyakit.com/pengertian-penyakit-menular>> [Diakses 6 Maret 2017]
- Mahmudy, W. F., 2013. *Algoritme Evolusi*. Malang: Program Teknologi Informasi dan Ilmu Komputer. Universitas Brawijaya.
- Marimin., 2005. *Teori dan Aplikasi Sistem Pakar dalam Teknologi Manajerial*. Institut Pertanian Bogor.
- Michalewicz, Zbigniew., 1996. *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*. Springer-Verlag, Heidelberg.
- Muhlenbein, H & Schlierkamp-Voosen, D., 1993, *Predictive models for the breeder genetic algorithm; continuous parameter optimization*, *Evolutionary Computation*, Vol. 1, pp. 25–49.

- Nursalam., 2011. *ASUHAN KEPERAWATAN Pada Pasien Terinfeksi HIV/AIDS*.
- Setiadji., 2009. *Himpunan dan Logika Samar serta Aplikasinya*.
- Widodo, A. W. & Mahmudy, W. F., 2010. *Penerapan Algoritme Genetika Pada Sistem Rekomendasi Wisata Kuliner*.
- Zanzabila F, et al., 2016. *Optimasi Fungsi Keanggotaan Fuzzy Inference System Tsukamoto Menggunakan Algoritme Genetika Untuk Sistem Diagnosa Penyakit Tiroid*.
- Zhang, W., Guo, F., Song, T., Meng, X. & Zhang, Q. 2016. *On Specific Harmonic Elimination Pwm Of Inverter Based On Genetic Algorithm*. 35th Chinese Control Conference (CCC), 9207-9211

